# Manual do utilizador Software HLA Fusion™

**Software HLA Fusion™ v. 3.x.x**

**Para utilização em diagnóstico *in vitro*.**

ONE LAMBDA, INC.
21001 Kittridge Street, Canoga Park, CA 91303-2801 Tel: (818)702-0042 www.onelambda.com

LABType®, LABScreen® e FlowPRA® são marcas comerciais registadas da One Lambda, Inc.
HLA Fusion™, LCT™, LAT™, Micro SSP™ e LABScan™ 100 são marcas comerciais da One Lambda, Inc.
Luminex® é uma marca comercial registada da Luminex Corporation.
Windows® é uma marca comercial registada da Microsoft Corporation.

© Copyright 2012, One Lambda, Inc.

CE

Todos os produtos de software One Lambda foram concebidos para auxiliar profissionais com experiência na análise dos genes HLA através da sugestão de resultados de tipologia. No entanto, quaisquer resultados clínicos ou diagnósticos devem ser cuidadosamente revistos por uma pessoa qualificada em testes de tipologia de HLA para assegurar a sua precisão. Este software poderá ser utilizado como ferramenta auxiliar através da sugestão de resultados, mas não deverá ser utilizado como o único método de determinação dos resultados reportáveis. Este software destina-se a ser um auxiliar de laboratório, não uma fonte de resultados definitivos. A conceção do software não mitiga os perigos associados ao software. O diretor ou técnico do laboratório com formação em análises de histocompatibilidade deverá rever todos os dados para detetar quaisquer problemas com o software.

Note que este documento foi preparado antes do lançamento do software HLA Fusion. Assim, poderá notar ligeiras diferenças de conteúdo relativamente aos ecrãs efetivos da aplicação.

# Índice

**INTRODUÇÃO** ..... **14**

O QUE É O SOFTWARE HLA FUSION™? ..... 14

**DOCUMENTAÇÃO DO PRODUTO E FICHEIROS DE ATUALIZAÇÃO** ..... **15**

**ATUALIZAÇÕES DO PROGRAMA** ..... **16**

**LIMITAÇÕES DO PROGRAMA** ..... **17**

**ASSISTÊNCIA TÉCNICA** ..... **18**

**ÂMBITO DESTE MANUAL** ..... **19**

**NAVEGAÇÃO** ..... **20**

**INICIAR SESSÃO NO FUSION** ..... **21**

RECUPERAR UM NOME DE UTILIZADOR OU PALAVRA-PASSE ESQUECIDOS ..... 22

**DEFINIÇÕES-CHAVE DO SISTEMA** ..... **23**

RESOLUÇÃO DO ECRÃ ..... 23

PERMISSÕES DE FICHEIROS ..... 24

**INTERFACE DO UTILIZADOR** ..... **25**

PÁGINAS INICIAIS DO FUSION ..... 25

INICIAR O NAVIGATOR (NAVEGADOR) ..... 27

*Árvore do Navigator (Navegador)* ..... *27*

AGRUPAMENTO DE RESULTADOS ..... 28

*Agrupar por produto* ..... *28*

*Agrupar por catálogo* ..... *29*

*Agrupar por data de teste* ..... *29*

*Agrupar por data da sessão* ..... *29*

**ACEDER ÀS FUNÇÕES DO SOFTWARE HLA FUSION™** ..... **30**

OPÇÕES DO MENU PRINCIPAL ..... 30

*Analyze Data (Analisar dados)* ..... *30*

*Reports (Relatórios)* ..... *30*

*Data (Dados)* ..... *30*

*Sample (Amostra)* ..... *30*

*Patient Info (Informações do paciente)* ..... *31*
*Profile (Perfil)* ..... *31*
*Utilities (Acessórios)* ..... *31*
*Help (Ajuda)* ..... *31*
*Exit (Sair)* ..... *32*
*Botões da barra de ferramentas* ..... *32*
*Find (Localizar)* ..... *33*
*Print Report (Imprimir relatório)* ..... *34*
*Preview Report (Pré-visualizar relatório)* ..... *35*
*Print Screen (Imprimir ecrã)* ..... *35*
*Magnify (Ampliar)* ..... *36*
*Show Navigator (Mostrar Navegador)* ..... *36*
*Patient/Donor Information (Informações de paciente/dador)* ..... *37*
*Related Records (Registos relacionados)* ..... *38*
*Side-by-Side Analysis (Análise lado a lado)* ..... *38*
PRODUCT DATA ANALYSIS (ANÁLISE DE DADOS DO PRODUTO) ..... 39
*Sample Navigation (Navegação de amostras)* ..... *39*
*Sample Date (Data de amostra)* ..... *40*

**ANÁLISE LABTYPE ..... 41**

**INICIAR A ANÁLISE LABTYPE ..... 43**

IMPORTAR DADOS DE SESSÃO LABTYPE (SEM HD) ..... 43
ADQUIRIR DADOS DE SESSÃO LABTYPE (HD) ..... 51

**ANALISAR SESSÕES EXON 4+ ..... 57**

**RESUMO DE SESSÃO LABTYPE ..... 60**

*A seleção de campos de resumo de sessão* ..... *60*
*Botões para exportar, pré-visualizar e imprimir* ..... *61*
SEPARADORES DE RESUMO DE SESSÃO LABTYPE ..... 62
*Separador de resumo* ..... *62*
*Separador de valor de controlo* ..... *63*
*Resumo de controlo positivo* ..... *63*
*Resumo de controlo negativo* ..... *64*
*Resumo de contagem de esferas* ..... *64*
SEPARADOR DE ANÁLISE DE ESFERAS ..... 65
*Resumo de reação falsa* ..... *65*
FUNÇÕES GERAIS DE RESUMO DE SESSÃO ..... 69
*Excluir uma amostra da análise* ..... *71*

**CONFIGURAR ANÁLISE LABTYPE PARA A AMOSTRA ATUAL ..... 72**

ALTERAR A CONFIGURAÇÃO PARA A AMOSTRA ATUAL ..... 72
*Atribuir código* ..... *73*
*Bw4/Bw6 em serologia* ..... *73*
*Dados demográficos* ..... *74*

*Controlo positivo mínimo* ..... *74*
*Contagem mínima de esferas* ..... *75*
*Definir amostra de reação certa* ..... *75*
*Ver CQ* ..... *76*
*Definição de limiar positivo baixo* ..... *76*

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE DE DADOS LABTYPE ..... 77**

ATALHOS DO TECLADO PARA NAVEGAÇÃO DE ANÁLISE LABTYPE ..... 81
QUADRANTE 1 (HISTOGRAMA DE CQ) ..... 81
*Separador de CQ* ..... *81*
*Separador Rxn (Reação)* ..... *82*
*Separador Rec Site (Local de reconhecimento)* ..... *84*
*Barra de reconhecimento* ..... *86*
*Separador de CQ local* ..... *87*
*Separador de resultados de pacientes/amostras* ..... *87*
QUADRANTE 2 (DADOS DE ESFERAS) ..... 88
*Separador de esfera* ..... *88*
*Separador Raw (Em bruto)* ..... *91*
*Separador Bead Info (Info de esferas)* ..... *92*
QUADRANTE 3 (PERFIL DE REAÇÃO) ..... 93
*Perfil de reação* ..... *93*
QUADRANTE 4 ..... 96
*Separador Pairs (Pares)* ..... *97*
*Atribuir um par de alelos da lista sugerida* ..... *98*
*Clique duas vezes num par de alelos no separador Pairs (Pares) para o atribuir à área de atribuição final de pares de alelos.* ..... *98*
*Atribuir manualmente um par de alelos* ..... *99*
*Separador Force (Forçar)* ..... *99*
*Separador Type/Subtype (Tipo/Sub-tipo)* ..... *100*
*Separador Match (Correspondência)* ..... *101*
*Separador Sero (Serologia)* ..... *101*
*Excluir sondas Exon 3 para um locus* ..... *102*
*Atribuição de códigos de alelos* ..... *103*
*Atribuição de códigos de alelos* ..... *104*
*Atribuição manual de códigos de alelos* ..... *104*
*Outra atribuição* ..... *107*
*Reanalisar* ..... *108*
*Analisar sessões LABType combinadas* ..... *108*
*Adicionar comentários do utilizador às amostras* ..... *109*
*Sinalizar uma amostra para testes adicionais* ..... *110*
*Atribuir resultados de códigos de serologia e alelo a um paciente* ..... *110*
*Pré-visualizar ou imprimir relatórios* ..... *111*
*Atribuir resultados codificados* ..... *112*
*Guardar atribuições* ..... *112*
*Confirmar atribuições* ..... *113*

**OPÇÕES DO MENU DO BOTÃO DIREITO DO RATO DO NAVIGATOR (NAVEGADOR) PARA LABTYPE ..... 114**

OPÇÕES AO NÍVEL DA SESSÃO ..... 114
*Criar o CQ Lab ..... 114*
*Revisão de sessão ..... 115*
*Reanalisar com nova nomenclatura ..... 116*
OPÇÕES AO NÍVEL DA AMOSTRA ..... 116
*Related Records (Registos relacionados) ..... 117*
*Side By Side Analysis (Análise lado a lado) ..... 117*
*O Explorador do Fusion ..... 118*

**ANÁLISE MICRO SSP ..... 120**

**INICIAR A ANÁLISE MICRO SSP ..... 121**

**CONFIGURAR A ANÁLISE DE DADOS MICRO SSP ..... 125**

*Atribuir código ..... 125*
*Bw4/Bw6 em serologia ..... 126*
*Dados demográficos ..... 126*

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE MICRO SSP ..... 127**

*Painel de gel de teste ..... 128*
*Visualizar os detalhes do poço ..... 130*
*Trabalhar com imagens de gel ..... 130*
*Adicionar amostras ..... 132*
*Separador Rxn (Reação) ..... 134*
*Número de reações falsas permitidas ..... 136*
*Forçar uma reação falsa ..... 136*

**ANÁLISE MICRO SSP COMBINADA ..... 137**

**REALIZAR ATRIBUIÇÕES DE TIPOLOGIA NA ANÁLISE MICRO SSP ..... 139**

*Atribuir um par de alelos da lista sugerida ..... 140*
*Separador Match (Correspondência) ..... 140*
*Atribuição manual de pares de alelos ..... 141*
*Códigos de alelos possíveis ..... 141*
*Atribuição de códigos de alelos ..... 142*
*Atribuição manual de códigos de alelos ..... 142*
*Códigos de alelos desconhecidos ..... 143*
*Outra atribuição ..... 145*
*Campo de serologia possível ..... 145*
*Traduzir (apenas para formato de nomenclatura não atual) ..... 146*
*Adicionar comentários às amostras ..... 146*
*Sinalizar uma amostra para testes adicionais ..... 147*
*Imprimir a janela de análise atual ..... 147*
*Pré-visualizar ou imprimir relatórios ..... 148*
*Atribuir resultados codificados ..... 148*

*Guardar atribuições* ..... *148*
*Confirmar atribuições* ..... *149*

**RESUMO DA SESSÃO MICRO SSP** ..... **150**

**OPÇÕES DO MENU DO BOTÃO DIREITO DO RATO DO NAVIGATOR (NAVEGADOR) PARA MICRO SSP** ..... **152**

OPÇÕES AO NÍVEL DA SESSÃO ..... 152
*Reanalisar com nova nomenclatura* ..... *152*
*Opções ao nível da amostra* ..... *153*
*Registos relacionados* ..... *153*
*Análise lado a lado* ..... *153*

**ANÁLISE LABSCREEN** ..... **155**

**INICIAR A ANÁLISE LABSCREEN** ..... **156**

ADQUIRIR DADOS DA SESSÃO LABSCREEN ..... 156
ECRÃ DE RESUMO DA SESSÃO LABSCREEN ..... 161

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE MISTA LABSCREEN** ..... **163**

LOCALIZAR ANTIGÉNIO ..... 164
VISUALIZAR A TIPOLOGIA MOLECULAR DE ANTIGÉNIOS ..... 165
*Visualizar os resultados de rastreio de anticorpos MIC* ..... *166*
*Ajustar valores de interrupção* ..... *166*
*Gráfico de dados em bruto* ..... *167*
*Tabela de dados em bruto* ..... *168*
*Relatório de dados em bruto* ..... *168*
BARRA CREG ..... 169
*Realizar atribuições* ..... *169*
*Guardar atribuições* ..... *170*
CONFIRMAR ATRIBUIÇÕES ..... 170
ADICIONAR COMENTÁRIOS ÀS AMOSTRAS ..... 170
SINALIZAR UMA AMOSTRA PARA TESTES ADICIONAIS ..... 171
*Imprimir a janela de análise atual* ..... *171*
PRÉ-VISUALIZAR E IMPRIMIR RELATÓRIOS ..... 171

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE LABSCREEN PRA, ANTIGÉNIOS SIMPLES E SINGLES** ..... **173**

TABELA CREG ..... 174
*Localizar antigénio* ..... *175*
*Alterar a escala do laboratório* ..... *176*
*Visualizar especificidades moleculares* ..... *177*
*Ajustar valores de interrupção* ..... *177*
*Selecionar o limiar mínimo positivo* ..... *178*
*Alterar a fórmula de normalização* ..... *178*
*Excluir antigénio(s) da análise* ..... *178*
*Incluir/excluir Cw* ..... *179*
*Repor as predefinições em todas as opções* ..... *180*

*Forçar positivo* ..... *180*
*Gráfico de dados em bruto* ..... *180*
*Tabela de dados em bruto* ..... *181*
*Relatório de dados em bruto* ..... *181*
*Visualizar correspondência/não correspondência de DSA (antigénio específico do dador)* ..... *182*
*Adicionar comentários às amostras* ..... *183*
*Sinalizar uma amostra para testes adicionais* ..... *183*
*Imprimir a janela de análise atual* ..... *183*
*Pré-visualizar e imprimir relatórios* ..... *183*
*Realizar atribuições finais* ..... *184*
*Atribuições manuais* ..... *185*
*Atribuir valores negativos a amostras* ..... *185*
*Remover atribuições* ..... *185*
*Guardar atribuições* ..... *186*
*Confirmar atribuições* ..... *186*
*Obter valores de análise caudal (exceto para Singles)* ..... *186*
*PRA do dador (exceto para Singles)* ..... *187*
*Selecionar interrupções de limiar mínimo positivo (exceto para Singles)* ..... *187*
*Ocultar valores de análise caudal (antigénio simples)* ..... *188*
*Navegar entre classe I e classe II (PRA de classe I e II combinadas)* ..... *188*
*Ordenar antigénios (antigénio simples)* ..... *188*

**OPÇÕES DO MENU DO BOTÃO DIREITO DO RATO DO NAVIGATOR (NAVEGADOR) PARA LABSCREEN ..... 190**

*Reanalisar com novas definições/novo catálogo* ..... *190*
*Opções ao nível da amostra* ..... *191*
*Registos relacionados* ..... *191*
*Análise lado a lado* ..... *191*

**ANÁLISE LAT ..... 194**

**INICIAR A ANÁLISE LAT ..... 195**

ADQUIRIR DADOS DA SESSÃO LAT ..... 195
*Introdução manual de uma única sessão* ..... *196*
*Introdução manual de lote* ..... *197*
IMPORTAR FICHEIROS CSV NO LAT ..... 198

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE MISTA LAT ..... 203**

*Introduzir dados e padrão de reação* ..... *204*
UTILIZAR O LEITOR ELISA ..... 205
*Realizar atribuições* ..... *206*
*Guardar atribuições* ..... *206*
CONFIRMAR ATRIBUIÇÕES ..... 207
*Adicionar comentários às amostras* ..... *207*
*Sinalizar uma amostra para testes adicionais* ..... *207*
*Adicionar informações sobre o tabuleiro* ..... *209*
*Exportar dados da sessão* ..... *209*

*Tabela de dados em bruto* ..... *209*
*Relatório rápido de dados em bruto* ..... *210*
*Imprimir a janela de análise atual* ..... *211*
*Pré-visualizar e imprimir relatórios* ..... *211*

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE PRA/ANTIGÉNIO SIMPLES LAT ..... 212**

INTRODUZIR O PADRÃO DE REAÇÃO ..... 212
UTILIZAR O LEITOR ELISA ..... 214
HISTOGRAMA PRA/ANTIGÉNIO SIMPLES LAT ..... 214
*Tabela CREG* ..... *215*
*Localizar antigénio* ..... *216*
*Visualizar especificidades moleculares* ..... *216*
*Selecionar o limiar mínimo positivo* ..... *217*
*Excluir antigénios da análise* ..... *217*
*Incluir/excluir Cw* ..... *218*
NAVEGAR ENTRE A CLASSE I E A CLASSE II ..... 218
*(Sessões PRA combinadas de classe I e II)* ..... *218*
*Tabela de dados em bruto* ..... *218*
*Relatório de dados em bruto* ..... *219*
*Exportar dados da sessão* ..... *219*
*PRA do dador* ..... *219*
*Adicionar comentários às amostras* ..... *219*
*Sinalizar uma amostra para testes adicionais* ..... *220*
*Pré-visualizar e imprimir relatórios* ..... *220*
REALIZAR ATRIBUIÇÕES FINAIS ..... 220
*Atribuições manuais* ..... *221*
*Atribuir valores negativos a amostras* ..... *221*
*Remover atribuições* ..... *221*
*Guardar atribuições* ..... *221*
CONFIRMAR ATRIBUIÇÕES ..... 222
*Obter valores de análise caudal* ..... *222*
NAVEGAR ENTRE A CLASSE I E A CLASSE II ..... 222
*(Sessões de PRA combinadas de classe I e II)* ..... *222*

**OPÇÕES DO MENU DO BOTÃO DIREITO DO RATO DO NAVIGATOR (NAVEGADOR) PARA LAT ..... 223**

*Reanalisar com novo catálogo* ..... *223*
OPÇÕES AO NÍVEL DA AMOSTRA ..... 224
*Registos relacionados* ..... *224*
*Análise lado a lado* ..... *224*

**ANÁLISE LCT ..... 225**

**INICIAR A ANÁLISE LCT ..... 226**

ADQUIRIR DADOS LCT ..... 226
ECRÃ DE RESUMO DA SESSÃO DO LCT ..... 228

**UTILIZAR A JANELA DE ANÁLISE DO LCT ..... 231**

PAINEL DE INTRODUÇÃO DE REAÇÃO E ANÁLISE ..... 232
*Adicionar informações sobre o tabuleiro ..... 232*
*Localizar antigénio ..... 233*
*Tabela CREG ..... 233*
*Ordenar por posição do poço ..... 234*
*Selecionar o limiar mínimo positivo ..... 235*
*Excluir antigénios da análise ..... 235*
*Incluir/excluir Cw ..... 236*
*Tabela de dados em bruto ..... 236*
*Relatório de dados em bruto ..... 237*
*PRA do dador ..... 237*
*Adicionar comentários às amostras ..... 238*
*Sinalizar uma amostra para testes adicionais ..... 238*
*Imprimir a janela de análise atual ..... 238*
PRÉ-VISUALIZAR E IMPRIMIR RELATÓRIOS ..... 239
REALIZAR ATRIBUIÇÕES FINAIS ..... 239
*Atribuições manuais ..... 239*
*Atribuir valores negativos a amostras ..... 240*
*Remover atribuições ..... 240*
*Guardar atribuições ..... 240*
*Confirmar atribuições ..... 240*

**OPÇÕES DO MENU DO BOTÃO DIREITO DO RATO DO NAVIGATOR (NAVEGADOR) PARA SESSÕES LCT ..... 241**

*Reanalisar com novo catálogo ..... 241*
OPÇÕES AO NÍVEL DA AMOSTRA ..... 241
OPÇÕES AO NÍVEL DA AMOSTRA ..... 242
*Registos relacionados ..... 242*
*Análise lado a lado ..... 242*

**RELATÓRIOS ..... 243**

**UTILIZAR A JANELA DE RELATÓRIOS ..... 244**

*Aceder à janela de relatórios ..... 244*
*Selecionar tipo de relatório ..... 245*
*Refinar os dados do relatório ..... 245*
*Seleção de sessão/amostra ..... 246*
*Ver, imprimir ou exportar relatórios ..... 247*
*Exportar relatório ..... 249*
*Aceder a relatórios a partir do menu Os meus favoritos ..... 249*
*Remover relatórios do menu Os meus favoritos ..... 250*

**FERRAMENTAS DE RELATÓRIOS ..... 251**

PERSONALIZAR A APARÊNCIA DO RELATÓRIO ..... 251
*Criar modelos de exportação de dados personalizados ..... 252*

*Criar relatórios personalizados* ... *253*
*Configuração de relatório personalizado molecular e de anticorpos* ... *254*
RESUMO DE AMOSTRAS ... 255
RESUMO DE AMOSTRAS DE TIPOLOGIA MOLECULAR ... 255
*Resumo de amostras de rastreio de anticorpos* ... *256*

**VER REGISTOS ... 257**

INFORMAÇÕES DO PACIENTE ... 258
RELATÓRIO DE REGISTO DE AUDITORIA ... 259

**TIPOS DE RELATÓRIO ... 261**

**GESTÃO DE DADOS ... 265**

**GESTÃO DA SESSÃO ... 266**

JANELA MANAGE SESSION DATA (GERIR DADOS DA SESSÃO) ... 266

**GESTÃO DE AMOSTRAS ... 268**

**IMPORTAR LISTAS DE AMOSTRAS ... 269**

**FORMATOS DE INFORMAÇÕES PARA LISTAS DE AMOSTRAS ... 270**

*Novo formato de lista de volumes* ... *270*
*Lista de volumes: Amostras 'X' no formato antigo* ... *270*
*Antigo formato de lista de volumes, '11' para amostras AB/DR* ... *270*
*Formato delimitado por vírgula* ... *270*
*Formato delimitado por hífen* ... *271*
*Formato SDF* ... *271*
*ID de local/amostra/paciente apenas* ... *271*
VER E EDITAR INFORMAÇÕES DAS AMOSTRAS ... 272

**LISTAS DE TESTES ... 273**

*Criar novas listas de testes* ... *273*
*Ver e editar listas de testes existentes* ... *274*
*Eliminar listas de testes existentes* ... *274*
*Exportar listas de testes* ... *275*

**LISTAS LUMINEX ... 276**

CRIAR LISTAS LUMINEX ... 276
*Criar listas de trabalho de amostras* ... *276*
*Criar desenho de placas* ... *277*

**INFORMAÇÕES DO PACIENTE** ..... **280**

**IMPORTAR LISTAS DE PACIENTES/DADORES** ..... **281**

**GERIR REGISTOS DE PACIENTES/DADORES** ..... **282**

ADICIONAR NOVOS REGISTOS DE PACIENTES/DADORES ..... 282
*Procurar registos de pacientes/dadores* ..... *283*
*Editar registos de pacientes/dadores* ..... *283*
*Associar uma ID de paciente/dador a IDs de amostras* ..... *284*
*Traduzir resultados de pacientes/dadores associadas a novo código de alelos* ..... *285*
*Associar registos de pacientes e dadores* ..... *285*
*Associar um doador a resultados de PRA do dador* ..... *285*
*Imprimir registos de pacientes/dadores* ..... *286*
*Exportar registos de pacientes/dadores* ..... *286*
*Arquivar registos de pacientes/dadores* ..... *286*
*Eliminar registos de pacientes/dadores* ..... *287*
*Criar listas de pacientes/dadores* ..... *287*

**LOCALIZAÇÃO DE ANTICORPOS DE PACIENTES** ..... **289**

**GESTÃO DE PERFIS** ..... **293**

**GESTÃO DE UTILIZADORES** ..... **294**

*Visualizar a lista de utilizadores* ..... *295*
*Adicionar novos utilizadores* ..... *295*
*Editar perfis de utilizador* ..... *295*
*Alterar palavras-passe* ..... *296*
*Repor palavras-passe* ..... *296*
*Alterar privilégios de utilizador* ..... *296*
*Desativar utilizadores* ..... *297*

**PERFIL DO LABORATÓRIO** ..... **298**

*Editar o perfil do laboratório* ..... *299*
*Gerir códigos laboratoriais* ..... *299*

**ACESSÓRIOS** ..... **300**

GERIR FICHEIROS DE REFERÊNCIA DE CATÁLOGOS ..... 301
*Atualizar ficheiros de catálogo de uma unidade local ou de rede* ..... *301*
ATUALIZAR FICHEIROS DE CATÁLOGO A PARTIR DO SITE DE TRANSFERÊNCIAS DA ONE LAMBDA ..... 303

**ATUALIZAR FICHEIROS DE REFERÊNCIA DE TIPOLOGIA MOLECULAR** ..... **305**

*Atualizar códigos NMDP de uma unidade local ou de rede* ..... *305*
*Atualizar ficheiros NMDP a partir do website NMDP* ..... *306*
*Criar um ficheiro de código local* ..... *306*
*Atualizar o ficheiro de código local* ..... *307*
*Atualizar ficheiro equivalente a serologia a partir do website One Lambda* ..... *307*

GESTÃO E INFORMAÇÕES DE CATÁLOGOS ..... 308
*Arquivar catálogos* ..... *308*
*Desarquivar ficheiros* ..... *310*
*Visualizar informações de ficheiros de catálogos* ..... *310*
*Eliminar informações de ficheiros de catálogos* ..... *310*
*Criação de relatório com as informações de ficheiros de catálogos* ..... *311*
*Associar ficheiros de catálogos de produtos e modelos Luminex* ..... *311*
*Importar ficheiros de frequência de alelos (Frequência demográfica)* ..... *312*
ATUALIZAR FICHEIROS DE FREQUÊNCIA DE ALELOS (FREQUÊNCIA DEMOGRÁFICA) ..... 314
GERIR INFORMAÇÕES DA LISTA CREG ..... 316

**ALTERAR DEFINIÇÕES DE CONFIGURAÇÃO DE PRODUTOS ..... 317**

ALTERAR A CONFIGURAÇÃO DE PRODUTOS MOLECULARES ..... 317
*Criar um catálogo de sessão combinada LABScreen* ..... *319*
*Alterar valor de soro negativo predefinido LABScreen* ..... *320*
*Alterar a configuração de produtos combinados LABScreen* ..... *320*
*Alterar a configuração de análise de rastreio de anticorpos* ..... *321*
*Importar ficheiros de SN* ..... *322*

**SELECIONAR DEFINIÇÕES GERAIS ..... 323**

*Predefinições da impressora* ..... *323*
DEFINIR OS URLS E CAMINHOS DE DIRETÓRIO PREDEFINIDOS DO HLA FUSION ..... 324
ATIVAR PRODUTOS ..... 325
CLIQUE EM OK [OK] ..... 325

**VALIDAÇÃO DO SOFTWARE ..... 326**

IQ (QI) (QUALIFICAÇÃO DA INSTALAÇÃO) ..... 326

# Introdução

## O que é o software HLA Fusion™?

O software HLA Fusion acompanha os produtos de tipologia molecular e rastreio de anticorpos da One Lambda. Este software funciona autonomamente (num único computador) e em ambientes em rede.

As funcionalidades deste software permitem efetuar o seguinte:

- Importar dados em bruto do analisador de fluxo LABScan 100
- Introduzir padrões de reação manualmente para produtos Micro SSP, FlowPRA, LAT e LCT
- Ler resultados ELISA para produtos LAT
- Analisar dados em bruto e rever os resultados de forma gráfica
- Ajustar valores de interrupção para clarificar os resultados
- Atualizar facilmente informações de produto (isto é, informações de novo produto e lote)
- Pesquisar dados específicos e criar relatórios padrão ou personalizados.

**Nota:** Certifique-se de que transferiu o ficheiro de Nomenclatura de Janeiro de 2011 ou posterior de equivalentes serológicos antes de importar catálogos ou de tentar analisar sessões/amostras.

Certifique-se ainda de que o seu agrupamento do SQL Server corresponde ao agrupamento de quaisquer instâncias de clientes (um *agrupamento* codifica as regras que regem a utilização adequada de carateres para um idioma ou alfabeto). Se não tiver a certeza, verifique junto do seu administrador de sistema/base de dados.

# Documentação do produto e ficheiros de atualização

*A ajuda online do HLA Fusion contém as informações e procedimentos mais atuais do HLA Fusion. Está disponível na própria aplicação de software Fusion premindo a tecla* ***F1*** *ou selecionando* ***Help : HLA Fusion Help*** *(Ajuda > Ajuda do HLA Fusion). Apesar deste documento, o manual do utilizador do HLA Fusion, ser mantido o mais atualizado possível, deve ser entregue muito antes do software para permitir a sua tradução.*

Geralmente, informações relativas à atualização do produto, como novas funcionalidades e resolução de problemas, encontram-se nas *Notas de lançamento do HLA Fusion*. Se ocorrer um lançamento de software de pequena dimensão e as notas de lançamento não estiverem atualizadas, é fornecido um ficheiro README com uma lista de alterações ao software e informações pertinentes que ainda não estão incluídas no manual do utilizador.

Adicionalmente, poderá aceder sempre às informações de atualização do produto mais atuais na opção do menu **Help > Product Update Notes** (Ajuda > Notas de atualização do produto) na aplicação do software do HLA Fusion ou no site de transferência do OLI.

# Atualizações do programa

**Nota:** Para obter os melhores resultados, certifique-se sempre de que está a utilizar a versão mais recente do software HLA Fusion™.

O HLA Fusion detetará automaticamente se existir uma atualização/patch de software disponível e informá-lo-á quanto à disponibilidade do mesmo. Poderá também obter atualizações do HLA Fusion sob pedido. Contacte o seu representante da One Lambda, Inc. para obter uma cópia do software ou consulte a secção de Assistência técnica abaixo para obter mais informações de contacto. As atualizações de informações do produto (ficheiros de catálogos, etc.) para o HLA Fusion estão disponíveis através do seu representante da One Lambda Inc. ou do website da One Lambda:

**http://download.onelambda.com**

# Limitações do programa

Todos os produtos de software da One Lambda destinam-se a auxiliar pessoal com experiência em análise de HLA sugerindo resultados de tipologia e de rastreio de anticorpos. Contudo, os resultados deverão ser cuidadosamente revistos por uma pessoa qualificada para efetuar testes de tipologia de HLA ou de rastreio de anticorpos para garantir a precisão. Este software poderá ser utilizado como ferramenta auxiliar através da sugestão de resultados, mas não deverá ser utilizado como o único método de determinação dos resultados reportáveis. Este software destina-se a ser um auxiliar de laboratório, não uma fonte de resultados definitivos.

Para assegurar a fiabilidade das informações de paciente armazenadas na base de dados, os utilizadores devem garantir que o identificador para cada paciente é único e que o identificador para cada amostra também é único. A capacidade de armazenamento do HLA é limitada pela sua versão do Microsoft SQL Server. Consulte o Manual do Utilizador do Fusion Database Utility ou o website da Microsoft (www.microsoft.com) para obter mais informações sobre a capacidade de armazenamento das várias versões do SQL Server.

O HLA Fusion presume que os dados para cada entrada necessária se encontram em formato padrão que não foi modificado. Os ficheiros de dados em bruto devem estar num ficheiro de formato de valores separados por vírgulas (CSV) e devem seguir estas diretrizes:

- O ficheiro de dados é um CSV gerado pelo LABScan100, utilizando versões de software 1.7, 2.2, 2.3 ou xPONENT 3.1.
- Todos os produtos HD devem ser adquiridos na versão de software 2.2, 2.3 ou xPONENT 3.1.
- O nome do ficheiro de dados,(também conhecido por Session ID [ID de sessão]) deve ter 40 carateres ou menos de comprimento e incluir a extensão de ficheiro .csv.
- Os dados são gerados com base em modelos originais, não modificados fornecidos pela One Lambda, Inc.
- O utilizador é responsável pelas atribuições finais e deve rever todos os resultados sugeridos.

# Assistência técnica

Para obter assistência técnica ou referir problemas de software, contacte o seu representante da One Lambda. Nos Estados Unidos, marque 800-822-8824 ou na zona de Los Angeles, marque 818-702-0042. Contacte-nos por e-mail em: techsupport@onelambda.com.

Para aceder aos requisitos do sistema, consulte o *Guia de Instalação do Software HLA Fusion*.

# Âmbito deste manual

Este manual fornece informações sobre como importar dados em bruto, efetuar alterações nos valores de interrupção e outros ajustes de configuração e controlo conforme sejam necessários para a análise e também localizar e reportar resultados de análises. É muito importante reconhecer que os dados de CQ (Controlo de qualidade) utilizados com este programa e as predefinições estabelecidas neste programa baseiam-se na experiência da One Lambda com o produto num ambiente de investigação e desenvolvimento rigorosamente controlado. Assim, um laboratório que efetue testes de tipologia de HLA ou rastreio de anticorpos em outro ambiente poderá ter de repor os valores de interrupção para cumprir requisitos laboratoriais específicos.

No Main Menu (Menu principal) do HLA Fusion, é possível aceder aos três componentes principais do programa:

- Analyze Data (Analisar dados)
- Manage Records (Gerir registos)
- Manage Samples (Gerir amostras)

Adicionalmente, poderá aceder às seguintes funcionalidades:

- Patient Information (Informações do paciente)
- Utilities (Acessórios)
- Help (Ajuda)
- Exit (Sair)

Este manual ajuda-o a começar a utilizar o HLA Fusion da One Lambda. Inclui uma visão geral do sistema e, em seguida, direciona-o para o processo de análise de dados.

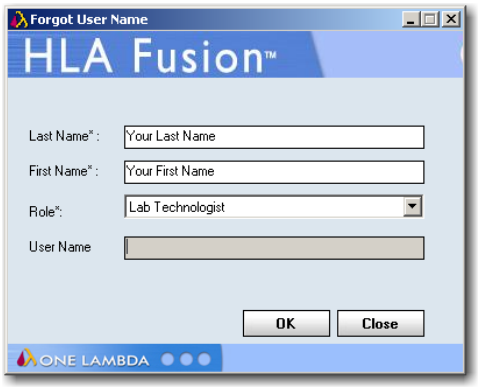
Consulte o *Guia de Instalação do Software HLA* para obter as instruções de instalação.

# Navegação

Esta secção descreve as várias formas de aceder aos menus e funções do software HLA Fusion, bem como sobre utilizar a ferramenta Navigator (Navegador) para aceder e deslocar-se entre sessões e amostras.

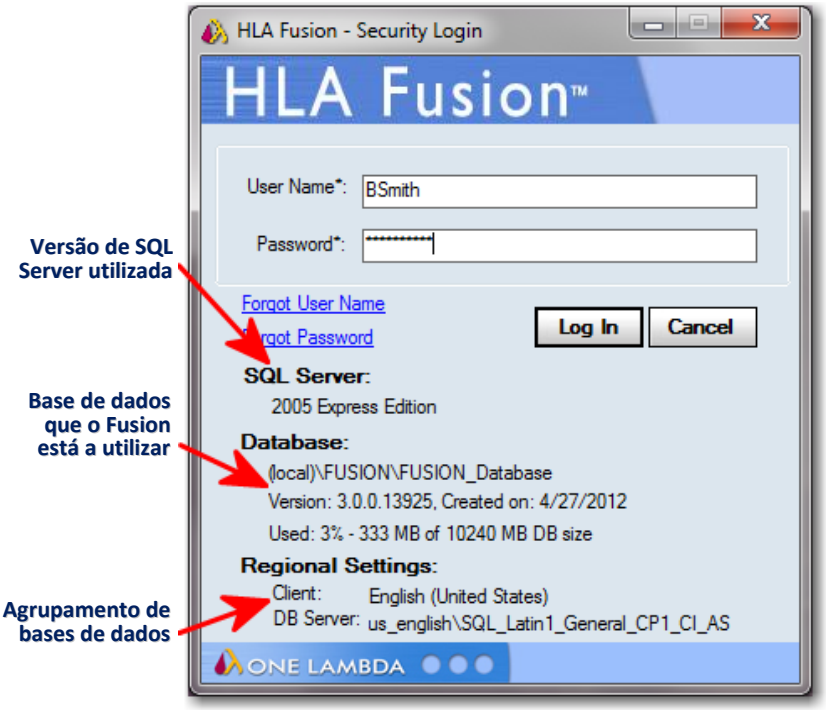
# Iniciar sessão no Fusion

1. Clique duas vezes no ícone do HLA Fusion no ambiente de trabalho do seu computador. Também poderá abrir o programa no menu do Windows: **Iniciar > Programas > One Lambda > HLA Fusion**.




É apresentada a caixa de diálogo Security Login (Início de sessão de segurança).

**Ecrã de início de sessão de segurança Fusion**



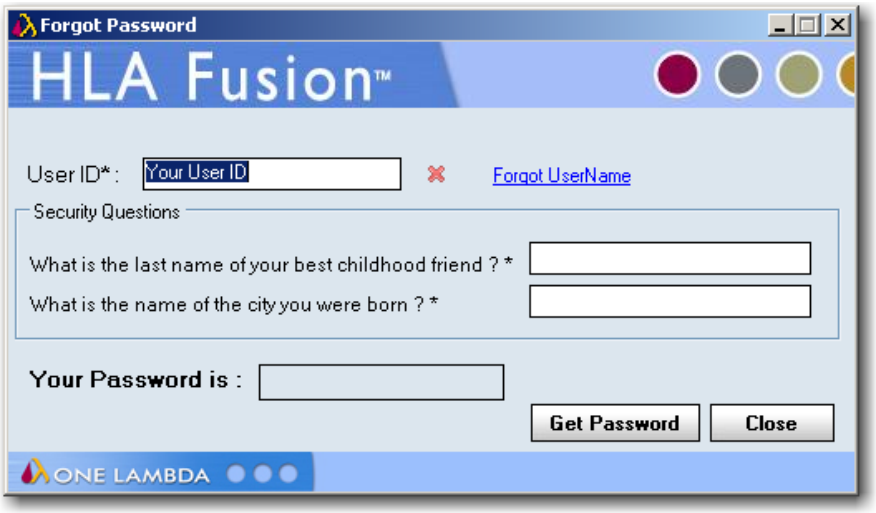

Introduza o seu **User Name** (Nome de utilizador) e **Password** (Palavra-passe) do HLA Fusion.

Clique no botão **Log In** Log In (Iniciar sessão) para abrir o programa.

**Nota:** O campo **Database** (Base de dados) apresenta a base de dados à qual se encontra atualmente ligado.

## Recuperar um nome de utilizador ou palavra-passe esquecidos

- Se esquecer o seu User Name (Nome de utilizador) do HLA Fusion, clique na ligação **Forgot User Name** (Esqueci o nome de utilizador), introduza o seu primeiro e último nome e selecione o seu cargo no laboratório (supervisor ou técnico). O sistema apresenta o nome de utilizador correspondente aos dados que forneceu.
- Se esquecer a sua palavra-passe do HLA Fusion, clique na ligação **Forgot Password** (Esqueci a palavra-passe) e responda às duas perguntas de segurança que lhe foram pedidas quando configurou o seu perfil de utilizador.
- A palavra-passe é apresentada quando as perguntas forem respondidas corretamente.

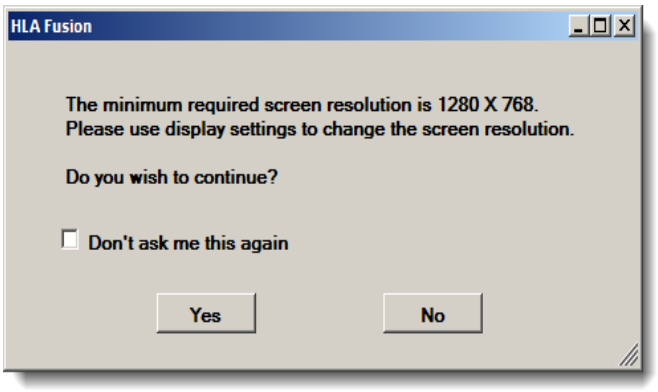


# Definições-chave do sistema

## Resolução do ecrã

O software HLA Fusion requer uma resolução de ecrã de **1280 x 768**. O software apresenta uma mensagem se a resolução atual do seu ecrã for inferior às definições esperadas.

**Nota:** Poderá escolher não apresentar esta mensagem através da ligação **Edit** (Editar) na secção **General Configurations** (Configurações gerais) da página Home (Inicial).


HLA Fusion
The minimum required screen resolution is 1280 X 768.
Please use display settings to change the screen resolution.
Do you wish to continue?
Don't ask me this again
Yes
No

Resolução mínima de ecrã

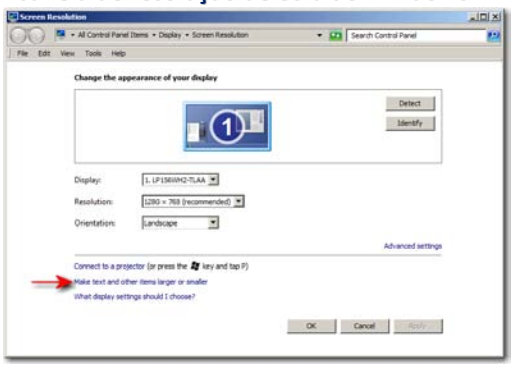
Poderá selecionar **Yes** (Sim) para que o sistema tente efetuar o ajuste. A aplicação continuará a ser iniciada mesmo se não for possível ajustar a resolução. Ou, poderá selecionar **No** (Não) e ajustar manualmente.

Adicionalmente, se o seu computador estiver a utilizar o sistema operativo Microsoft® Windows 7®, a definição de visualização de texto deverá estar definida para **Pequeno - 100% (predefinição)**. Efetue estas etapas se for necessário ajustar o tamanho de visualização do ecrã:

1. Clique com o botão direito do rato no ambiente de trabalho do computador. Seleccione a opção **Resolução de ecrã**.

   É apresentada a janela **Resolução de ecrã**.

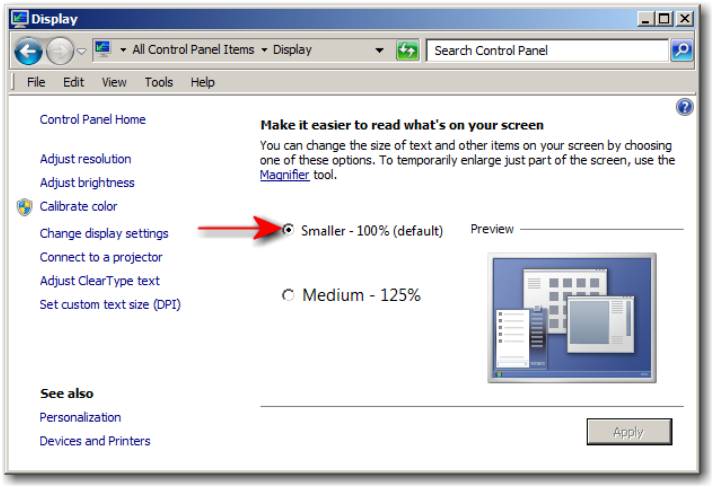
Janela de resolução de ecrã do Windows 7



Selecione **Aumentar ou diminuir o tamanho de texto e de outros itens,** (*consulte o anterior*).

2. Selecione o tamanho de texto pequeno.

**Windows - Selecionar pequeno**


Display
All Control Panel Items ▸ Display
Search Control Panel
File Edit View Tools Help
Control Panel Home
Adjust resolution
Adjust brightness
Calibrate color
Change display settings
Connect to a projector
Adjust ClearType text
Set custom text size (DPI)
See also
Personalization
Devices and Printers
Make it easier to read what's on your screen
You can change the size of text and other items on your screen by choosing one of these options. To temporarily enlarge just part of the screen, use the Magnifier tool.
Smaller - 100% (default)
Medium - 125%
Preview
Apply

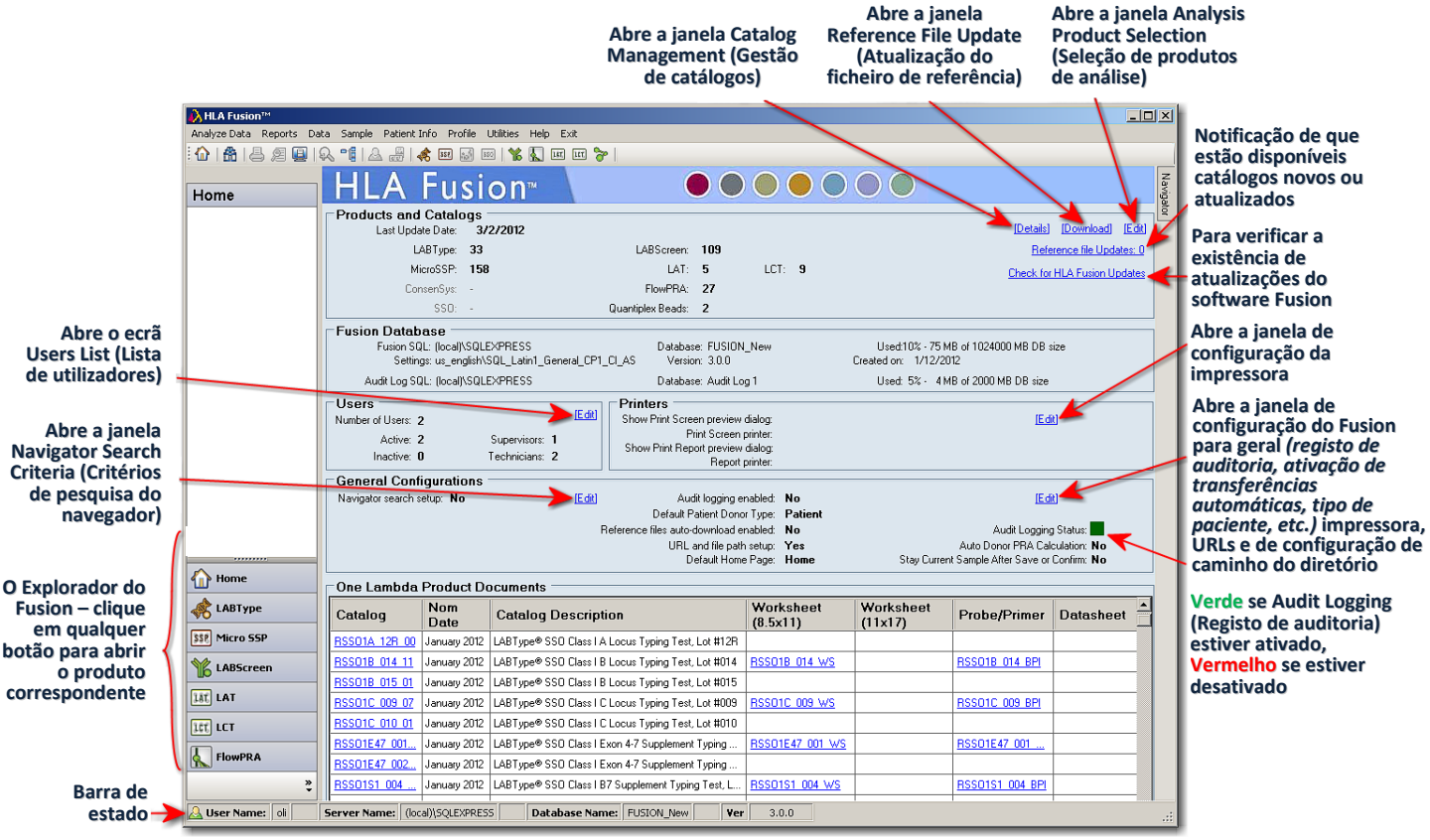
## Permissões de ficheiros

Todos os utilizadores do HLA Fusion têm de ter lido e gravado permissões nos seguintes diretórios e ficheiros:

- **`OneLambda.Fusion.Interface.exe.config`**
- **`ReportMap.xml`**
- **`C:\OLI Fusion\`**(e todos os sub-diretórios e ficheiros nestes sub-diretórios)

# Interface do utilizador

## Páginas iniciais do Fusion


Abre a janela Catalog Management (Gestão de catálogos)
Abre a janela Reference File Update (Atualização do ficheiro de referência)
Abre a janela Analysis Product Selection (Seleção de produtos de análise)
Notificação de que estão disponíveis catálogos novos ou atualizados
Para verificar a existência de atualizações do software Fusion
Abre a janela de configuração da impressora
Abre a janela de configuração do Fusion para geral (registo de auditoria, ativação de transferências automáticas, tipo de paciente, etc.) impressora, URLs e de configuração de caminho do diretório
Verde se Audit Logging (Registo de auditoria) estiver ativado, Vermelho se estiver desativado
Abre o ecrã Users List (Lista de utilizadores)
Abre a janela Navigator Search Criteria (Critérios de pesquisa do navegador)
O Explorador do Fusion – clique em qualquer botão para abrir o produto correspondente
Barra de estado
HLA Fusion™
Home
Products and Catalogs
Fusion Database
Users
Printers
General Configurations
One Lambda Product Documents
Navigator

Esta opção da interface do utilizador permite aceder às páginas iniciais individuais do produto, importar dados e visualizar janelas de análises. Também permite visualizar ou aceder a dados do sistema ou do produto, transferências de ficheiros de referência e definições de configuração.

**Nota:** Se a página atual não apresentar informações atualizadas depois de efetuadas quaisquer modificações ou transferências, volte à página Home (Inicial) principal e, em seguida, volte à página inicial do produto para ver as alterações.

Esta interface é o que verá quando iniciar sessão pela primeira vez no HLA Fusion.

Para apresentar a página inicial de um dos produtos indicados na área do canto inferior esquerdo da página, clique no botão ou na opção do menu. Para **LABScreen**:

- Na página principal do Fusion, clique no botão LABScreen **ou** clique no botão LABScreen na barra de ferramentas do HLA Fusion na parte superior do ecrã.

*OU,*

- Selecione **Analyze Data > LABScreen** (Analisar dados > LABScreen) na barra de menu do Fusion.

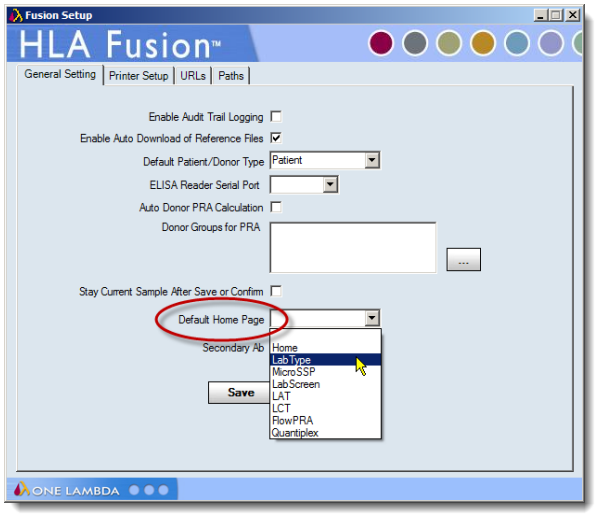
Repare como o ecrã muda para acomodar o produto One Lambda selecionado?

**Nota:** As bases de dados migradas e as atualizadas partilham a mesma interface.

Se pretender fazer de uma das páginas iniciais do produto a página inicial predefinida para que cada vez que inicie sessão no HLA Fusion, essa página inicial em particular seja apresentada, proceda da seguinte forma:

1. Volte à **Página inicial** principal do Fusion clicando no botão **Home Page** (Página inicial) no lado esquerdo do ecrã **ou**

no botão **Página inicial** na parte superior esquerda do ecrã na barra de ferramentas do Fusion.




2. Na Página inicial, clique em **[Edit]** (Editar) no lado direito da secção **General Configurations** (Configurações gerais).

*OU,*

Clique na palavra **Utilities** (Acessórios) na barra de tarefas do Fusion.

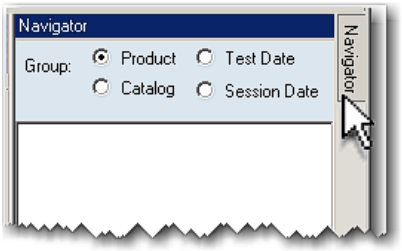
No separador **General Settings** (Definições gerais), clique na seta pendente e selecione na lista pendente no campo **Default Home Page** (Página inicial predefinida) uma opção para definir como página inicial predefinida.

3. Clique em **Save** (Guardar) e, em seguida, em **Close** (Fechar).

## Iniciar o Navigator (Navegador)

Se o separador Navigator (Navegador) ainda não for apresentado no lado direito da janela da aplicação, clique no botão da barra de ferramentas **Show Navigator** (Mostrar navegador) para ativar a função Navigator (Navegador)

***Ou***,

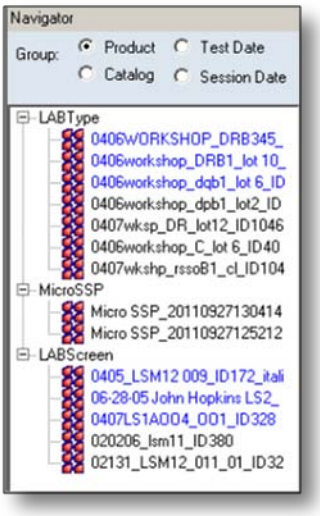



Mova o cursor sobre o separador **Navigator** (Navegador) na extremidade direita da janela da aplicação para deslizar o Navigator (Navegador) para ficar à vista.

### Árvore do Navigator (Navegador)

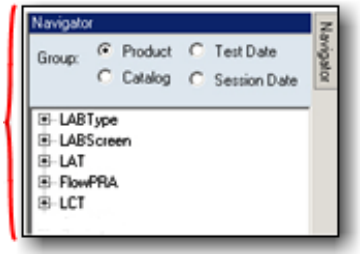
Utilizando a árvore do **Navigator** (Navegador), pode mover-se facilmente entre produtos de análise, sessões, amostras e datas de testes.

**Árvore do Navigator (Navegador) do Fusion**




**Nota:** Clique duas vezes numa sessão ou clique no sinal **+** à esquerda do módulo **Catalog** (Catálogo), **Date** (Data) ou **Product** (Produto) para apresentar a lista de sessões.

**Produtos do HLA Fusion**




**Sessões no Navigator (Navegador)**

Clique num nome de amostra para a apresentar na janela de análise.

## Agrupamento de resultados

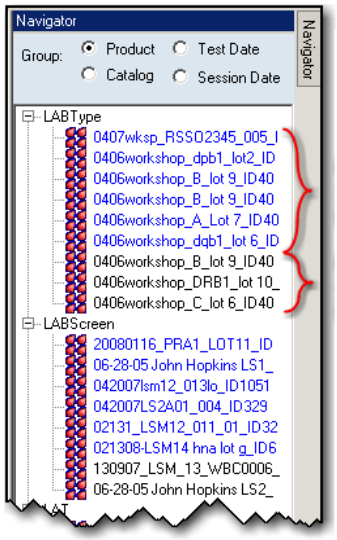
As sessões e amostras apresentadas através da ferramenta Navigator (Navegador) podem ser ordenadas por vários critérios:

- **Produto**
- **Data da sessão**
- **Catálogo**
- **Data de teste**

A predefinição é agrupar por **Product** (Produto). Consulte as próximas secções para obter os detalhes sobre as várias opções de apresentação.

### Agrupar por produto

**Sessões revistas/não revistas**




**As sessões não revistas são apresentadas a AZUL.**

**As sessões revistas são apresentadas a PRETO.**

O Navigator (Navegador) apresenta sessões importadas para cada tipo de produto, com base no intervalo de datas e outros critérios definidos na opção **Find** (Localizar). Se já estiver no modo de análise para um determinado produto, apenas serão apresentadas as sessões que encaixam no intervalo de datas para esse produto.

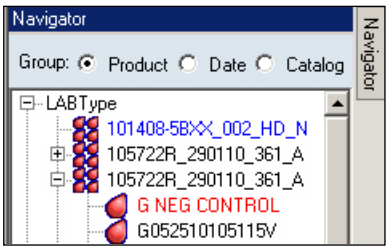
Clique no sinal + junto ao tipo de produto que lhe interessa para apresentar as suas sessões.

- As sessões apresentadas a **azul** são as que ainda não foram revistas. Quando efetuar a revisão de uma sessão, a sua cor na lista do Navigator (Navegador) muda para **preto**.

- Clique num nome de sessão para apresentar as amostras nessa sessão. Para LABType e LABScreen, o sistema também efetua uma análise do lote e apresenta os resultados no Session Summary (Resumo da sessão).

  Se uma amostra de sessão for apresentada a **vermelho**, significa que ocorreu falha de amostra em Batch Analysis (Análise do lote).

**Falha de amostra em Batch Analysis (Análise do lote)**

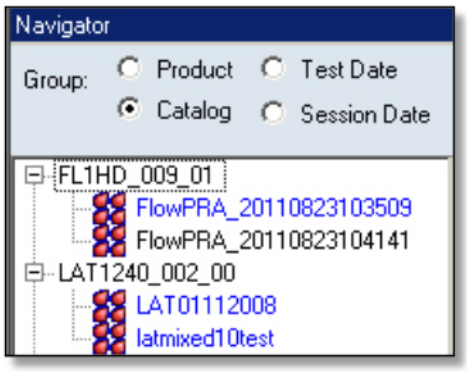



- Clique num nome de amostra para a apresentar na dados.

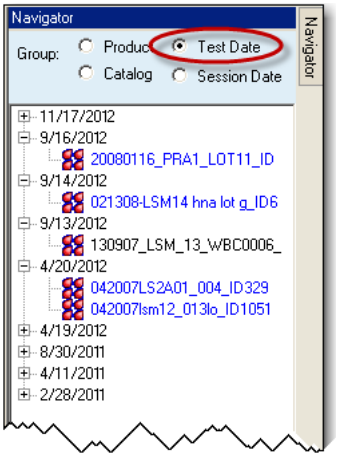
## Agrupar por catálogo

Ao selecionar a opção de agrupar por **Catalog** (Catálogo) no Navigator (Navegador),
as sessões são apresentadas por ordem alfanumérica por **Nome de catálogo**.

Agrupar por catálogo



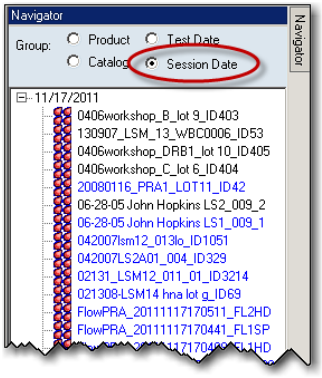

## Agrupar por data de teste




Ao selecionar a opção de agrupar por **Test Date** (Data de teste), as sessões são apresentadas por ordem cronológica pelas suas datas de teste.

Caso contrário, a utilização desta ferramenta é a mesma descrita anteriormente em Agrupar por produto.

## Agrupar por data da sessão




Ao selecionar a opção de agrupar por **Session Date** (Data da sessão), as sessões são apresentadas por ordem cronológica das suas datas de criação.

Caso contrário, a utilização desta ferramenta é a mesma descrita anteriormente em Agrupar por produto

# Aceder às funções do software HLA Fusion™

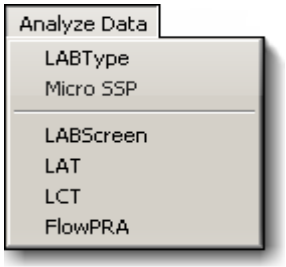
## Opções do menu principal

**Opções na barra de menu do Fusion**

Pode aceder às funcionalidades do HLA Fusion em qualquer altura a partir do Menu principal da barra de ferramentas, que é apresentada na parte superior das janelas de aplicação do HLA Fusion. Consulte as secções seguintes para obter uma lista das opções disponíveis em cada item do menu principal.

### Analyze Data (Analisar dados)

Cada opção neste item de menu é um produto molecular ou anticorpo para o qual poderá importar ficheiros CSV ou introduzir manualmente reações e dados de análise. Para obter detalhes, consulte as secções de análise de produtos individuais neste manual do utilizador.




**Barra de menu: Analyze Data (Analisar dados)**

### Reports (Relatórios)

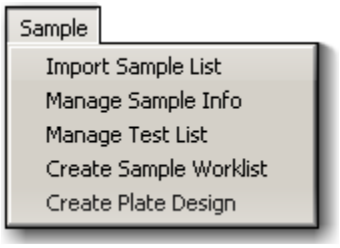
Ao selecionar este item de menu, é apresentada a **Reports Page** (Página de relatórios), permitindo-lhe criar relatórios dos seus dados de análise.

### Data (Dados)

Ao selecionar este item de menu, é apresentada uma **Data Window** (Janela de dados) que permite gerir (isto é, eliminar, arquivar, ativar ou mover) sessões e amostras, mapear alelos de sessão para uma nova nomenclatura NMDP e visualizar/imprimir ficheiros de registo de dados de sessão.

### Sample (Amostra)

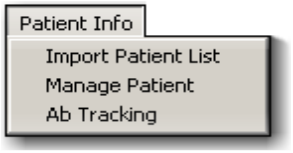
As opções neste item de menu referem-se a importar, criar, gerir e exportar informações da amostra. Este é igualmente o menu a utilizar para gerir listas de testes Luminex e para criar listas de trabalho de amostras e desenhos de placas.




**Barra de menu: Sample (Amostra)**

### Patient Info (Informações do paciente)

As opções neste item de menu referem-se a importar listas de pacientes/dadores, gerir informações de paciente/dador individuais e localizar dados de anticorpos do paciente.




**Barra de menu: Patient Info (Informações do paciente)**

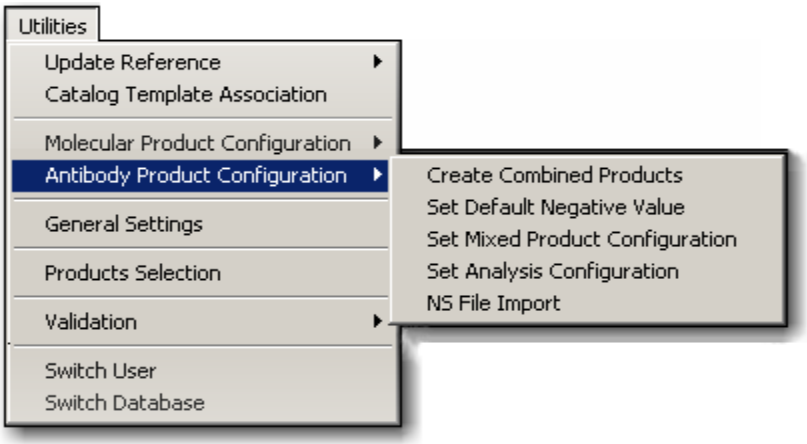
### Profile (Perfil)

**Barra de menu: Profile (Perfil)**

Existem pontos neste item de menu para criar e gerir o seu próprio perfil de utilizador, listas de utilizadores do sistema e privilégios e informações laboratoriais. Também existe uma opção para alternar entre as opções da página inicial dependendo do seu sistema e preferências de navegação.

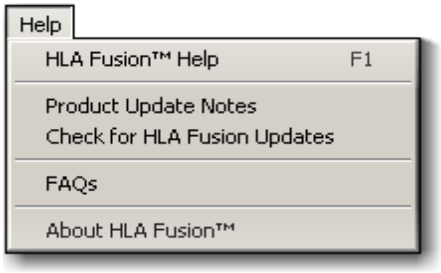
### Utilities (Acessórios)

As opções neste item de menu referem-se a importar ficheiros de catálogos, códigos e serologia, configurar os produtos moleculares e de anticorpos que analisar, configurar o seu sistema HLA Fusion e validação do sistema.




**Barra de menu: Utilities (Acessórios)**

### Help (Ajuda)




**Barra de menu: Help (Ajuda)**

Este item de menu permite aceder à seguinte informação do software HLA Fusion:

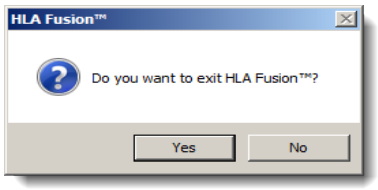
- Ajuda online, que fornece orientação na utilização do software HLA Fusion.
- Ligações para vídeos de iniciação, “Show Me” (Mostrar-me).
- Notificação de atualizações e uma descrição de novas funcionalidades no software HLA Fusion mais recente.

- Perguntas frequentes dinamicamente atualizadas sobre o software HLA Fusion.
- O número de build e de versão da aplicação de software HLA Fusion que está atualmente a utilizar.

**Nota:** A ajuda online pode ser acedida em a partir de qualquer ponto da aplicação HLA Fusion quando prime a tecla F1 no seu teclado. Ocasionalmente, são efetuadas atualizações à ajuda online entre lançamentos do HLA Fusion. Para garantir que tem o ficheiro de ajuda mais atual, visite o site de transferência OLI em: **download.onelambda.com/pub/tray_info/Windows/HLA_Fusion_Catalogs/Document/**

### Exit (Sair)

Ao selecionar este item de menu, é apresentada uma caixa de diálogo que permite selecionar **Yes** (Sim) para sair e fechar a aplicação HLA Fusion ou selecionar **No** (Não) para manter a sessão atual aberta.



Mensagem de confirmação de saída

### Botões da barra de ferramentas

O HLA Fusion fornece uma barra de ferramentas, apresentada mesmo por baixo das opções da barra de menu principal com acesso a funções frequentemente mais utilizadas.

Botões da barra de ferramentas do Fusion

- Também é possível passar com o rato por cima dos botões e surgirá uma etiqueta com o nome de cada botão.
- Note que alguns botões só estão disponíveis para utilização quando estiver no ecrã Analysis (Análise).

  A tabela seguinte descreve cada botão da barra de ferramentas:

| Botão | Nome |
|---|---|
| | Home (Inicial) |
| | Find (Localizar) |
| | Print Report (Imprimir relatório) |
| | Preview Report (Pré-visualizar relatório) |
| | Print Screen (Imprimir ecrã) |
| | Magnify (Ampliar) |
| | Show Navigator (Mostrar Navegador) |
| | Patient (Paciente) |
| | Related Records (Registos relacionados) |
| | Side-by-Side Analysis (Análise lado a lado) |

| Outros botões e controlos | Nome |
|---|---|
| | Product Data Analysis (Análise de dados do produto) |
| | Sample Navigation Tools (Ferramentas de navegação de amostras) *(apenas visível durante a análise de amostras).* A ligação **<<Summary** (Resumo) retorna à tabela de resumo de amostra associada. |
| | Apresenta a data da amostra atual na janela de análise. |

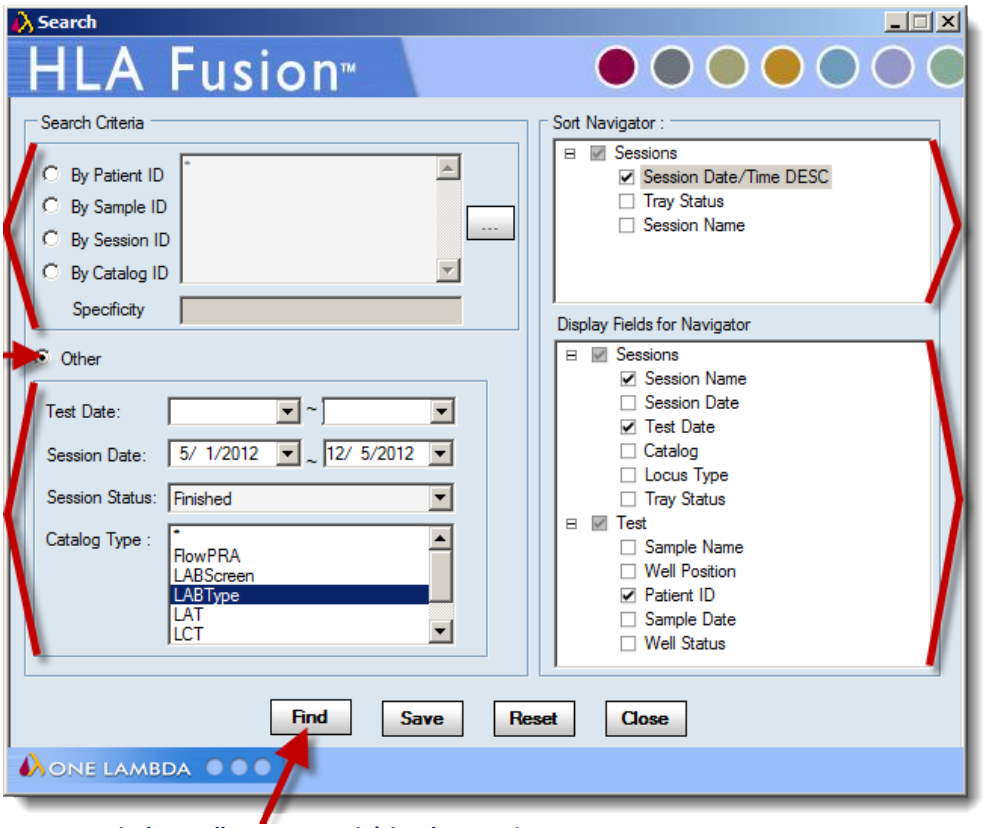
**Find (Localizar)**

Clique no botão **Find** (Localizar) para abrir a **Search Window** (Janela de pesquisa) do HLA Fusion para registos utilizando vários critérios. Poderá escolher pesquisar por **Patient ID** (ID de paciente), **Sample ID** (ID de amostra), **Session ID** (ID de sessão), **Catalog ID** (ID de catálogo) (e especificidade) ou **Other** (Outro).

**Other** (Outro) permite fornecer vários critérios de pesquisa incluindo: **date range** (intervalo de datas), **session status** (estado da sessão) e **catalog type** (tipo de catálogo).

A caixa de diálogo Find (Localizar) também permite modificar os critérios de ordenação e de apresentação de Navigator Session (Sessão do navegador).

**Ecrã Search (Pesquisar ) do Fusion**




**Seleccione estes critérios de pesquisa para pesquisa básica.**

**Selecione Other (Outro) para ativar a apresentação de Sort (Ordenar) e Field (Campo).**

**Procure por Date range (Intervalo de datas), Session Status (Estado da sessão) ou Catalog Type (Tipo de catálogo).**

**Defina a ordem pela qual os seus resultados de pesquisa serão apresentados.**

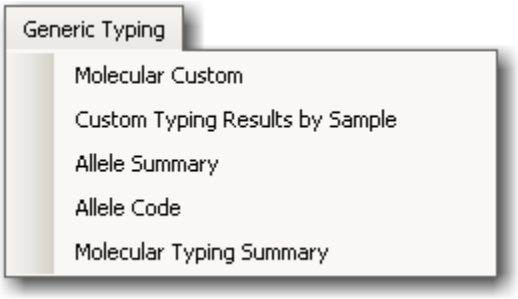
**Escolha que informação pretende que seja mostrada.**

**Depois de escolher os seus critérios de pesquisa, clique no botão Find (Localizar) para iniciar a pesquisa.**

| | |
|---|---|
| **Nota:** | O intervalo de datas definido aqui, no campo **Session Date** (Data da sessão) é utilizado como intervalo de datas predefinido por todo o HLA Fusion, tal como nas janelas do Navigator (Navegador) e de Reports (Relatórios). Sempre que o altera e clica no botão **Find** (Localizar), a predefinição muda para o resto da aplicação. |

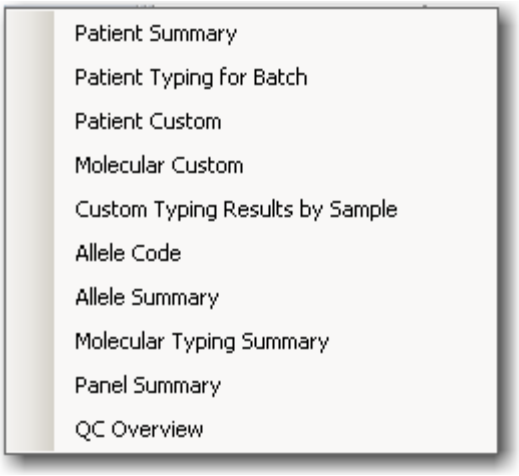
## Print Report (Imprimir relatório)

Em qualquer **ecrã Analysis** (Análise), pode clicar no botão **Print** (Imprimir) para apresentar uma lista dos relatórios que pode imprimir (os relatórios indicados são específicos do produto que se encontra atualmente a analisar, por isso, o que está apresentado no exemplo poderá ser diferente). Se tiver configurado uma impressora predefinida (configurada através de **Utilities > Printer Setup** (Acessórios > Configuração da impressora) o relatório selecionado é automaticamente enviado para a impressora especificada. Caso contrário, é apresentada uma caixa de diálogo onde poderá selecionar uma impressora.




**Exemplo de opções de impressão de relatórios**

## Preview Report (Pré-visualizar relatório)




**Exemplo de opções de pré-visualização de relatórios**

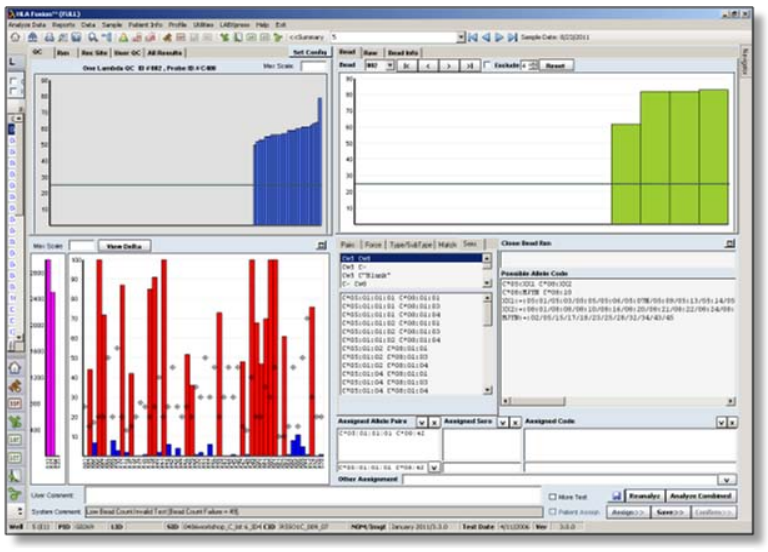
Em qualquer **ecrã Analysis** (Análise), clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) para apresentar uma lista de relatórios que poderá verificar antes de imprimir—os relatórios indicados são específicos do produto que está atualmente a analisar. Os relatórios são apresentados numa janela de pré-visualização. Utilize os botões **Print** (Imprimir) e **Export** (Exportar) na janela de pré-visualização para obter o relatório no formato selecionado.

Clique no botão **Close** (Fechar) no canto superior direito do ecrã para sair da janela de pré-visualização.

## Print Screen (Imprimir ecrã)

Em qualquer **ecrã Analysis** (Análise), clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) para abrir uma nova janela que contém uma captura de ecrã da janela de análise atual. Clique no botão **Print** (Imprimir) (canto superior esquerdo) para enviar a captura de ecrã diretamente para a impressora.

Para fechar esta janela, clique no botão **Exit** (Sair) ou no botão **Close** (Fechar).

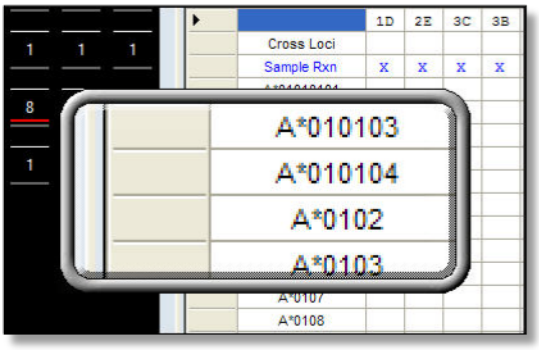


**Exemplo de resultados de uma impressão de ecrã**

### Magnify (Ampliar)

Em qualquer **janela Analysis** (Análise), clique no botão **Magnify** (Ampliar) para ativar a lupa e aumentar qualquer secção da janela. Utilize o seu rato para mover a lupa e utilize as teclas de seta no seu teclado de computador para aumentar ou diminuir a altura e largura da área aumentada.

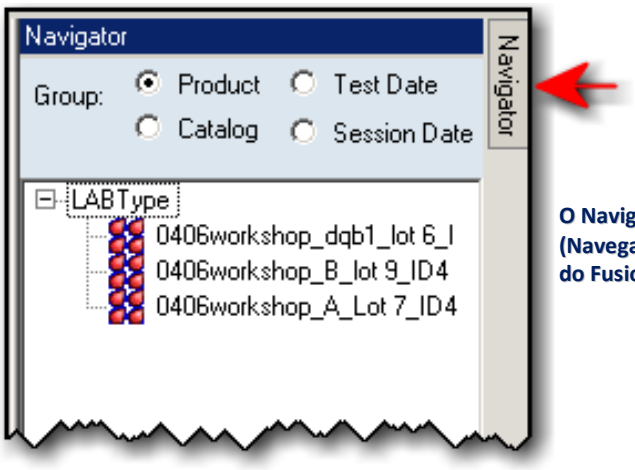
Clique em qualquer ponto do ecrã para desativar a lupa.




**Ampliar uma área**

### Show Navigator (Mostrar Navegador)

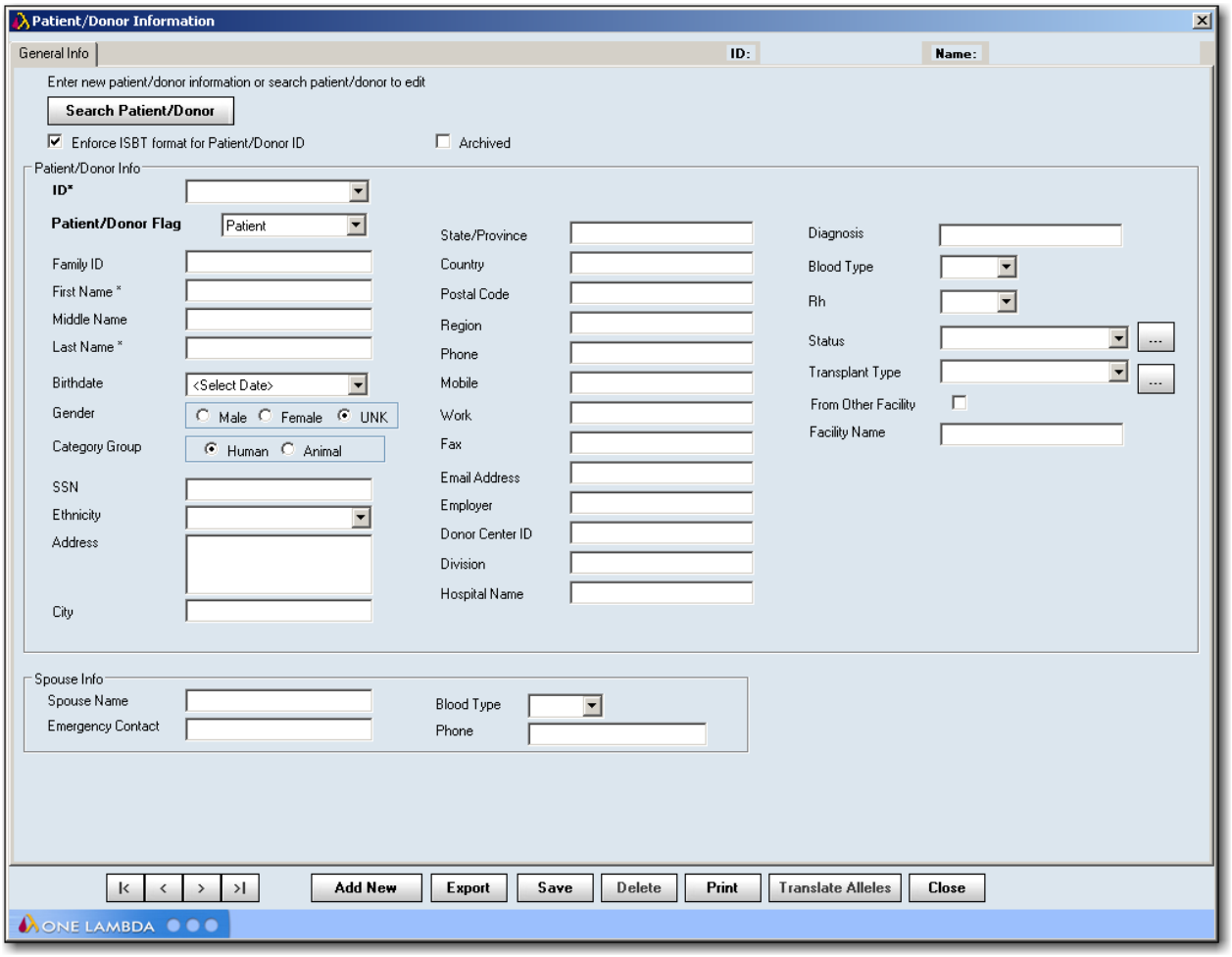
Se o **Navigator** (Navegador) do Fusion (apresentado normalmente no lado direito da janela da aplicação) não estiver visível, clique no botão **Show Navigator** (Mostrar Navegador) na barra de ferramentas. Quando o separador **Navigator** (Navegador) for apresentado, deslize o seu cursor sobre ele para abrir o painel do Navigator (Navegador).




**O Navigator (Navegador) do Fusion**

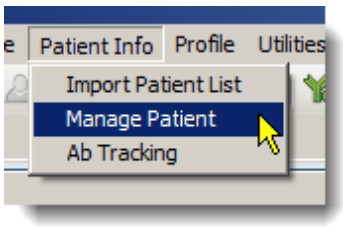
## Patient/Donor Information (Informações de paciente/dador)

Em qualquer **ecrã Analysis** (Análise), clique no botão **Patient** (Paciente) para apresentar o ecrã **Patient/Donor Information** (Informações de paciente/dador) onde poderá introduzir ou editar informações relacionadas com um paciente ou dador e associá-las à amostra atual.




**Ecrã Patient/Donor Information (Informações de paciente/dador)**

Também poderá abrir o ecrã Patient/Donor Information (Informações de paciente/dador) em qualquer altura clicando em **Patient Info** (Informações do paciente) na barra de menu do Fusion, seguido de **Manage Patient** (Gerir paciente).



### Related Records (Registos relacionados)

Um **Related Record** (Registo relacionado) é uma amostra que está associada de alguma forma à amostra ou paciente atual.

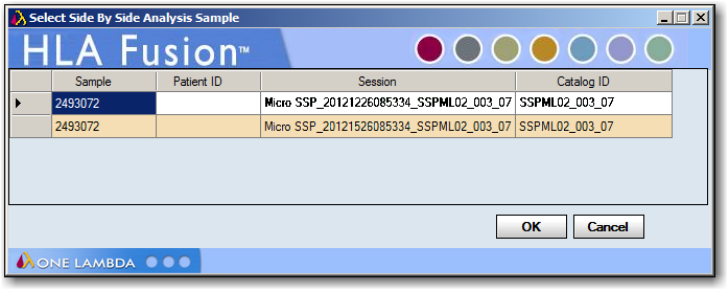
Em qualquer **ecrã Analysis** (Análise), clique no botão **Related Records** (Registos relacionados) para carregar todos os registos relacionados com a amostra atual na lista pendente no campo **Sample ID** (ID de amostra). Utilize as setas de navegação da amostra para apresentar a análise de cada registo relacionado, um por um.

Para sair do modo Related Records (Registos relacionados) e voltar ao ecrã de análise anterior, clique na ligação **<<Summary** <<Summary (Resumo) no lado esquerdo do campo **Sample ID** (ID de amostra) na parte superior do ecrã.

**Nota:** Esta função também pode ser acedida clicando com o botão direito do rato sobre uma amostra no Navigator (Navegador) do Fusion. Reveja as secções específicas do produto deste manual para obter mais informações sobre a utilização desta funcionalidade.

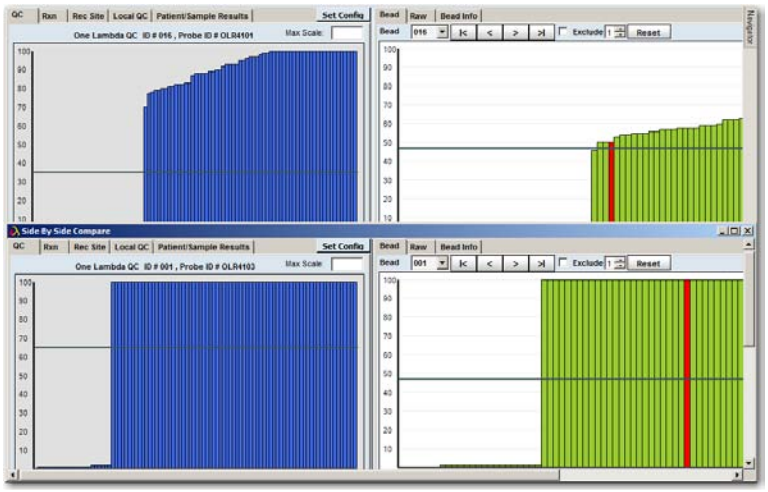
### Side-by-Side Analysis (Análise lado a lado)

Em qualquer ecrã Analysis (Análise), clique no botão **Side-by-Side Analysis** (Análise lado-a-lado) na barra de ferramentas do Fusion para comparar a análise da amostra atual (com um fundo **castanho**) com sessões de análise anteriores para a mesma ID de amostra.




**Iniciar a análise lado-a-lado**

- Selecione uma análise de amostra anterior na lista apresentada para a comparar com a atual. As duas janelas de análise são então apresentadas conjuntamente para comparação.
- Cada janela pode ser redimensionada e movida arrastando e largando. Clique novamente no botão Side-by- Side Analysis (Análise lado-a-lado) para cancelar a apresentação de comparação.




Vista de análise lado-a-lado

**Nota:** Esta função também pode ser acedida clicando com o botão direito do rato sobre uma amostra no Navigator (Navegador) do Fusion.

## Product Data Analysis (Análise de dados do produto)

Clique em qualquer um dos botões de **Product Data Analysis** (Análise de dados do produto) na barra de ferramentas do Fusion para apresentar a página inicial desse produto, importar um ficheiro de sessão, introduzir manualmente uma sessão ou apresentar e selecionar da Navigator List (Lista do Navegador) de sessões anteriormente importadas para esse produto.

- Também poderá clicar em qualquer um dos produtos do Fusion localizados no **Fusion Explorer** (Explorador do Fusion) na parte inferior esquerda do ecrã da página inicial de um produto.

Fusion Explorer (Explorador do Fusion)

### Sample Navigation (Navegação de amostras)

As ferramentas **Sample Navigation** (Navegação de amostras) (apenas acessíveis num ecrã Analysis [Análise]) fornecem-lhe acesso a todas as amostras na sessão atual. Poderá selecionar uma amostra diferente na mesma sessão efetuando a seleção na lista pendente no campo **Sample ID** (ID de amostra) ou clicando nos botões de seta para a frente/para trás junto ao campo pendente.

Navegador de amostras

Clique em **<<Summary** (Resumo) para voltar ao resumo dessa sessão.

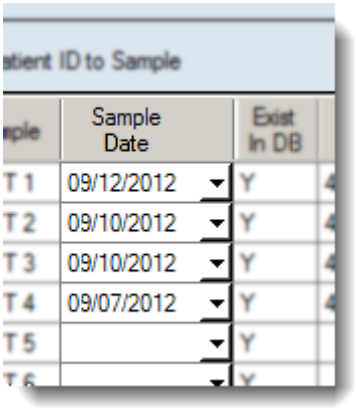
Clicar na seta pendente▼apresenta todas as amostras na sessão atual, conforme apresentado a seguir:

**Visualização pendente de amostras**

| Well | Sample | Patient | Sample Date | Session | Catalog ID | Local ID | ImgtVer |
|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 2 (B1) | 9027 | 042908 | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 3 (C1) | 9093 | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 4 (D1) | 9256 | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 11 (C2) | E18149 | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 14 (F2) | E21675 | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 22 (F3) | KO | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 24 (H3) | PAST | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |
| 25 (A4) | PORTER | | | 07-17-12 PP3914 BW4L6... | RSSO1S4_005_01 | | 3.7.0 |

- Selecionar uma amostra desta lista no campo Sample ID (ID de amostra) torna essa amostra ativa na janela de análise. Alternativamente, poderá utilizar os botões de setas para a frente ▶ ou para trás ◀ para selecionar amostras diferentes.
- Clique neste botão ⏮ para ir para a *primeira* amostra. Clique neste botão ⏭ para ir para a *última* amostra
- Clicar em **<<Summary** (Resumo) leva-o novamente para o resumo de sessão da amostra atual.

**Sample Date (Data de amostra)**




## Sample Date (Data de amostra)

Para a amostra atualmente em análise, o campo **Sample Date** (Data de amostra) apresenta a data em que a amostra foi obtida.

A data de amostra pode ser definida e preenchida automaticamente na tabela Session Import (Importar sessão).

# Análise LABType

O módulo de análise HLA Fusion™ LABType® analisa ficheiros de saída CSV Luminex para produtos LABType, incluindo ficheiros de saída HD. Os resultados de análise baseiam-se em especificações de catálogo, códigos NMDP ou locais e ficheiros de referência equivalentes de serologia. Todos estes podem ser transferidos e utilizados com o software Fusion.

Alguns pontos devem ser concluídos ou verificados antes de iniciar uma sessão de análise:

- Certifique-se de que possui os ficheiros de catálogo mais recentes, bem como o código NMDP, código local (se utilizado) ou ficheiros de referência equivalentes de serologia antes de analisar. Poderá transferir ou atualizar catálogos existentes na Página inicial LABType.
- Visualizar e modificar definições globais de configuração do produto antes de iniciar a análise. As definições globais são apresentadas e podem ser modificadas na Página inicial LABType ou através do menu Utilities (Acessórios). As definições globais aplicam-se a todas as novas sessões importadas.
- Poupe tempo ao importar ficheiros CSV verificando se os URLs e os caminhos de diretórios ou pastas indicam os locais onde estes ficheiros são normalmente armazenados no seu sistema ou rede. Estas definições também podem ser modificadas na secção General Configurations (Configurações gerais) da página inicial do Fusion Explorer (Explorador do Fusion).
- Poderá definir o HLA Fusion para permanecer numa amostra que já tinha guardado ou confirmado em vez de mover automaticamente esta definição na secção General Configurations (Configurações gerais) da página inicial do Fusion Explorer (Explorador do Fusion).

**Nota:** Algumas das tarefas acima requerem privilégios de Utilizador supervisor. Poderá ter de verificar junto do seu Supervisor se estas tarefas foram concluídas.

# Visão geral do LABType
# Processo de análise

Após importar a(s) sessão(ões), verifique se existe algum Controlo positivo ***baixo*** e Contagens de esferas ***baixas*** na Tabela de resumo. Considere eliminar essas amostras.

Verifique no gráfico inferior esquerdo do ecrã Analysis (Análise) se existem reações controladas–mesmo acima ou abaixo dos pontos de interrupção.
Verifique também os separadores Control (Controlo) e Bead Analysis (Análise de esferas).

Utilize o separador Force (Forçar) para ajudar a rever resultados indesejáveis e de alelos raros (quadrante inferior direito).

Verifique a tabela de reações para rever padrões de reatividade de alelos (quadrante superior esquerdo).

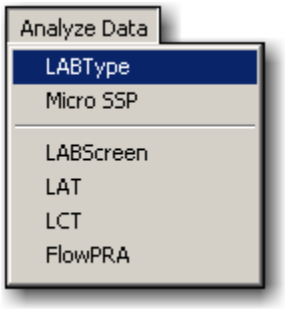
Assinale a caixa de Close Reaction (Reação controlada) para continuar a finalizar designações (quadrante inferior direito).

Efetue quaisquer ajustes de valores de interrupção necessários (quadrantes superior direito ou inferior esquerdo).

Efetue atribuições finais de par de alelos, serologia e/ou codificadas (quadrante inferior direito).

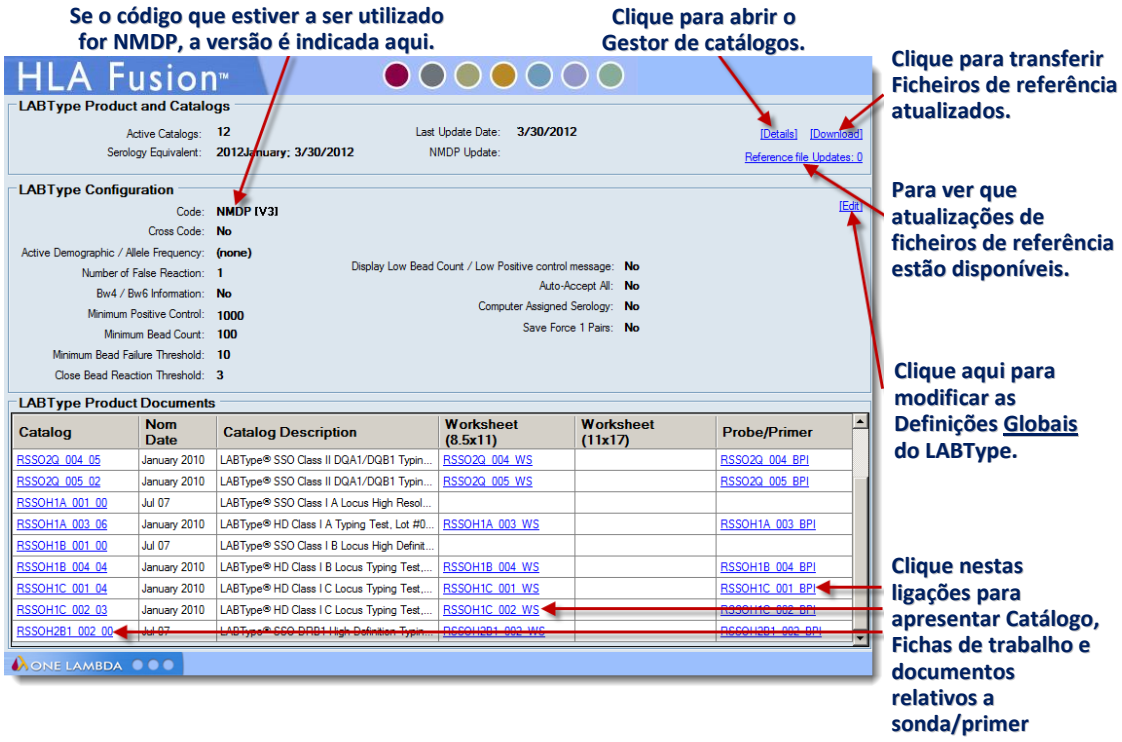
# Iniciar a análise LABType

## **Importar dados de sessão LABType** (Sem HD)

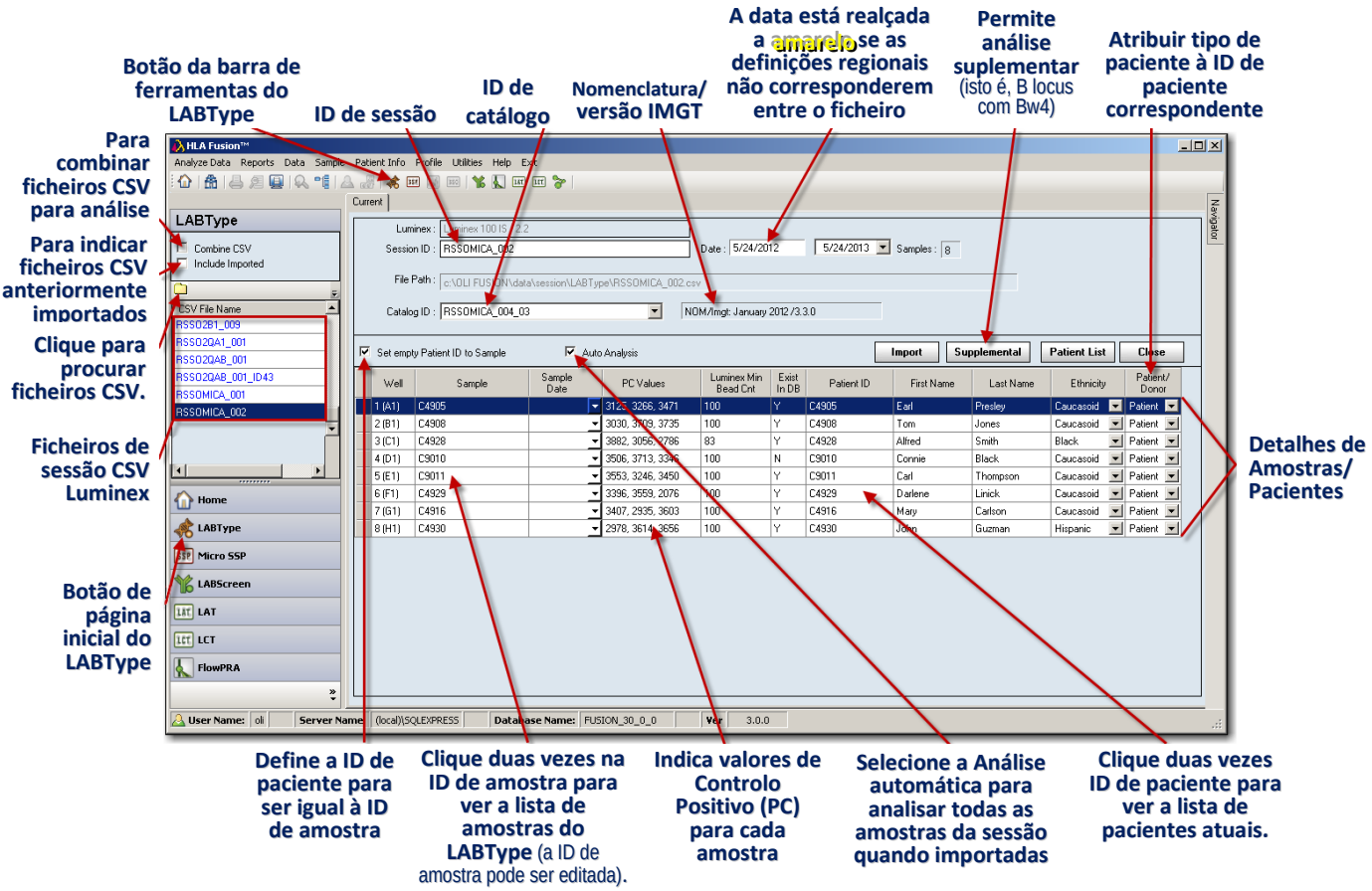



- Clique no botão **LABType** LABType no painel do Fusion Explorer (Explorador do Fusion), no botão **LABType** na barra de ferramentas do Fusion ou clique em **Analyze Data** (Analisar dados) na barra de ferramentas e selecione **LABType**.

É apresentada a **Página inicial** do LABType.

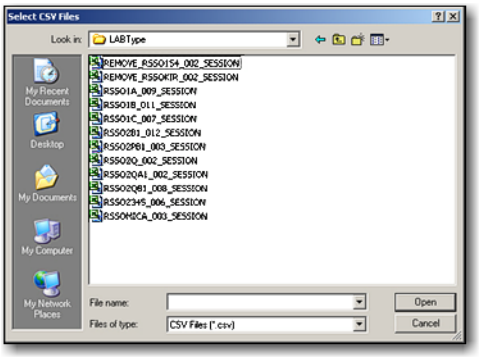

Se o código que estiver a ser utilizado for NMDP, a versão é indicada aqui.
Clique para abrir o Gestor de catálogos.
Clique para transferir Ficheiros de referência atualizados.
Para ver que atualizações de ficheiros de referência estão disponíveis.
Clique aqui para modificar as Definições Globais do LABType.
Clique nestas ligações para apresentar Catálogo, Fichas de trabalho e documentos relativos a sonda/primer
HLA Fusion™
LABType Product and Catalogs
Active Catalogs: 12
Serology Equivalent: 2012January; 3/30/2012
Last Update Date: 3/30/2012
NMDP Update:
[Details] [Download]
Reference file Updates: 0
LABType Configuration
[Edit]
Code: NMDP [V3]
Cross Code: No
Active Demographic / Allele Frequency: (none)
Number of False Reaction: 1
Bw4 / Bw6 Information: No
Minimum Positive Control: 1000
Minimum Bead Count: 100
Minimum Bead Failure Threshold: 10
Close Bead Reaction Threshold: 3
Display Low Bead Count / Low Positive control message: No
Auto-Accept All: No
Computer Assigned Serology: No
Save Force 1 Pairs: No
LABType Product Documents
Catalog | Nom Date | Catalog Description | Worksheet (8.5x11) | Worksheet (11x17) | Probe/Primer
RSSO2Q_004_05 | January 2010 | LABType® SSO Class II DQA1/DQB1 Typin... | RSSO2Q_004_WS | RSSO2Q_004_BPI
RSSO2Q_005_02 | January 2010 | LABType® SSO Class II DQA1/DQB1 Typin... | RSSO2Q_005_WS | RSSO2Q_005_BPI
RSSOH1A_001_00 | Jul 07 | LABType® SSO Class I A Locus High Resol...
RSSOH1A_003_06 | January 2010 | LABType® HD Class I A Typing Test, Lot #0... | RSSOH1A_003_WS | RSSOH1A_003_BPI
RSSOH1B_001_00 | Jul 07 | LABType® SSO Class I B Locus High Definit...
RSSOH1B_004_04 | January 2010 | LABType® HD Class I B Locus Typing Test,... | RSSOH1B_004_WS | RSSOH1B_004_BPI
RSSOH1C_001_04 | January 2010 | LABType® HD Class I C Locus Typing Test,... | RSSOH1C_001_WS | RSSOH1C_001_BPI
RSSOH1C_002_03 | January 2010 | LABType® HD Class I C Locus Typing Test,... | RSSOH1C_002_WS | RSSOH1C_002_BPI
RSSOH2B1_002_00 | Jul 07 | LABType® SSO DRB1 High Definition Typin... | RSSOH2B1_002_WS | RSSOH2B1_002_BPI
ONE LAMBDA

A função de atualizações de ficheiros de referência (canto superior direito) não funciona para ficheiros NMDP ou sero-equivalentes.


Botão da barra de ferramentas do LABType
ID de sessão
ID de catálogo
Nomenclatura/ versão IMGT
A data está realçada a amarelo se as definições regionais não corresponderem entre o ficheiro
Permite análise suplementar (isto é, B locus com Bw4)
Atribuir tipo de paciente à ID de paciente correspondente
Para combinar ficheiros CSV para análise
Para indicar ficheiros CSV anteriormente importados
Clique para procurar ficheiros CSV.
Ficheiros de sessão CSV Luminex
Botão de página inicial do LABType
Detalhes de Amostras/ Pacientes
Define a ID de paciente para ser igual à ID de amostra
Clique duas vezes na ID de amostra para ver a lista de amostras do LABType (a ID de amostra pode ser editada).
Indica valores de Controlo Positivo (PC) para cada amostra
Selecione a Análise automática para analisar todas as amostras da sessão quando importadas
Clique duas vezes ID de paciente para ver a lista de pacientes atuais.

**Nota:** Abra as fichas de trabalho e as fichas de sonda/primer para verificar a exatidão dos números de revisão (estes documentos não contêm um número de revisão no respetivo nome de ficheiro).

2. Clique no ícone pequeno de **Pasta** e selecione uma sessão(ões) no ecrã **Select CSV Files** (Selecionar ficheiros CSV).




**Selecionar/Importar ficheiros CSV**

**Nota:** O HLA Fusion converte dados de ficheiros CSV gerados pelo Luminex, como data e hora, para o código regional local se for especificado um código regional no ficheiro CSV. (*Não é possível especificar um código regional para ficheiros CSV criados como software Luminex, versão 2.2 ou anterior.*) Se o primeiro campo da data estiver realçado a amarelo, indica que o Fusion detetou uma correspondência de código regional errada. Neste caso, recomenda-se que utilize o seletor pendente no segundo campo da data para escolher a data adequada, tendo em consideração as diferenças regionais de formato de data.

3. Selecione da lista de ficheiros CSV a importar ou clique no ícone de **Pasta** por cima da lista para procurar um ficheiro(s) CSV do LABType CSV file(s) no seu sistema/rede. Se numa sessão as amostras tiverem um valor de controlo positivo abaixo da definição mínima, são assinaladas para que possa facilmente selecionar e eliminá-las da sessão.

**Nota:** Poderá ver ficheiros CSV de produtos que não os do LABType ou outros ficheiros CSV. Isto significa que deverá clicar primeiro numa sub-pasta do LABType ou que os seus ficheiros da sessão LABType não se encontram no diretório para onde o HLA Fusion indica.

4. O HLA Fusion atribui uma **Session ID** (ID de sessão) (*o nome de ficheiros CSV*) automaticamente. Opcionalmente, poderá editar o campo Session ID (ID de sessão). A ID pode ser alfanumérica (conter letras e números) e será indicada por ordem alfabética com quaisquer outros ficheiros de sessão LABType na sua base de dados.

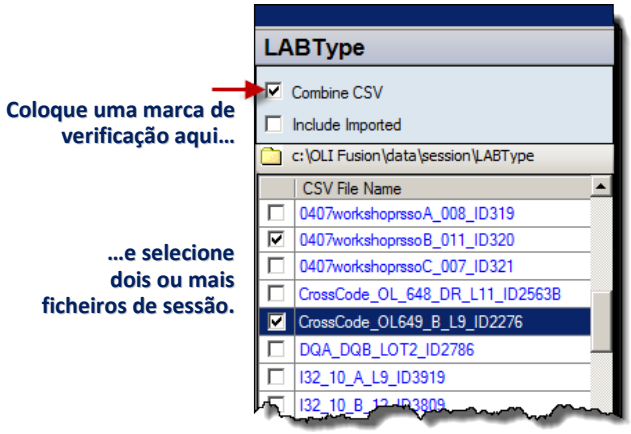
**Campo de ID de sessão**

**Nota:** Uma ID de sessão deve ser **exclusiva** na base de dados do Fusion. Se a ID de sessão já existir, o HLA Fusion solicita que a seja alterado o nome da sessão. Recomenda-se vivamente que não utilize carateres especiais neste campo, uma vez que podem desempenhar uma função específica enquanto separadores de campo.

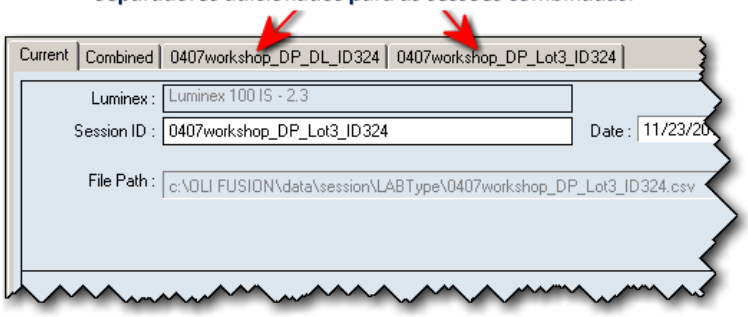
Para combinar ficheiros CSV para análise de conjuntos suplementar aplicável:

5. Selecione a caixa de verificação **Combine CSV** (Combinar CSV).
6. Em seguida, selecione as caixas de seleção à esquerda de dois ou mais ficheiros de sessão para combiná-los. Certifique-se de que combina sessões de loci com ficheiros de sessão de um kit suplementar adequado.

   Quando tiver combinado sessões, são apresentados separadores adicionais na tabela de Sample/Patient Details (Detalhes de amostras/pacientes) à direita do separador **Current** (Atual), representando os ficheiros combinados CSV .

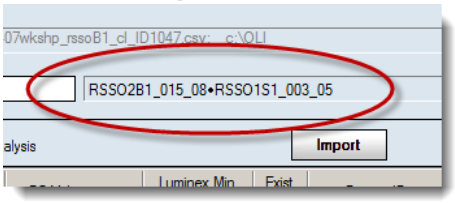


**Separadores adicionados para as sessões combinadas.**




7. Certifique-se de que o campo **Catalog ID** (ID de catálogo) contém a Combined Session ID (ID de sessão combinada) apresentada à sua direita.

**Catálogos combinados**

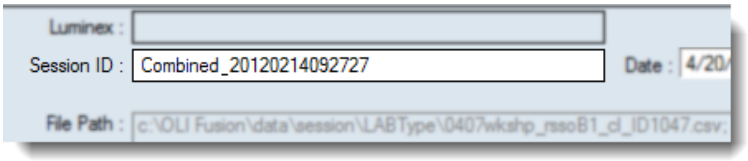



8. Clique no botão **Import** (Importar).



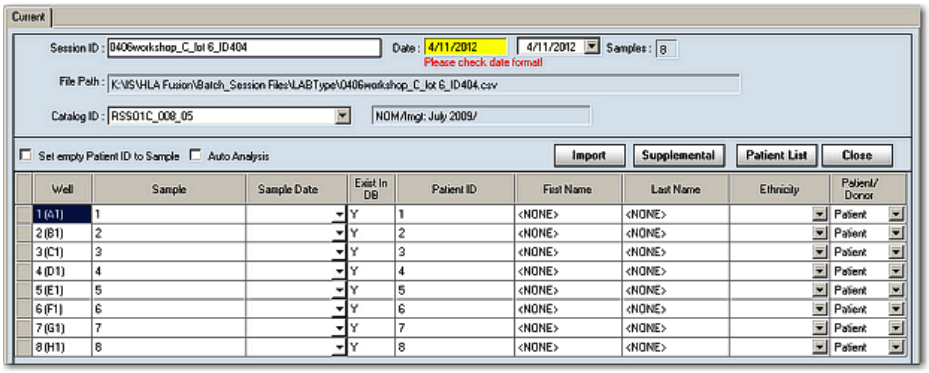
A sessão combinada é apresentada no campo Session ID (ID de sessão) com a palavra ***Combined*** (Combinado) incluída à frente do seu nome de ID de sessão.

**ID de sessão combinada**




**Nota:** Se não existirem amostras apresentadas no separador Combined (Combinado), selecionou sessões que não podem ser combinadas. Não é possível combinar sessões cruzadas de loci, (*por ex., locus A e locus B*).

9. Clique num ficheiro CSV para apresentar as suas amostras associadas na tabela **Sample/Patient Details** (Detalhes de amostras/pacientes).



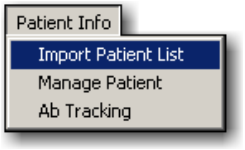

**Sessão LABType - Tabela de detalhes de amostras/pacientes**

**Nota:** O botão **Supplemental** (Suplementar) pode ser utilizado para adicionar sessões que já foram analisadas à sessão atual para uma análise combinada (por ex., sessões B7 com

sessões locus B). Isto não funciona para combinações de sessões cruzadas de loci (como locus A e locus B).

10. Se já estiver associada uma amostra a um paciente, a ID de paciente e qualquer informação de paciente existente ou relacionada é apresentada.

    Para adicionar informações de paciente, proceda da seguinte forma:




- Para adicionar dados de paciente que já estejam armazenados no sistema, clique duas vezes na coluna Patient ID (ID de paciente) da tabela de detalhes de amostras/pacientes ou
- Clique em **Patient Info** (Informações do paciente) na barra menu do Fusion e selecione **Import Patient List** (Importar lista de pacientes) para o ficheiros de informações de paciente.
- Para adicionar manualmente dados de paciente, introduza os dados diretamente nos campos relacionados com o paciente na tabela.

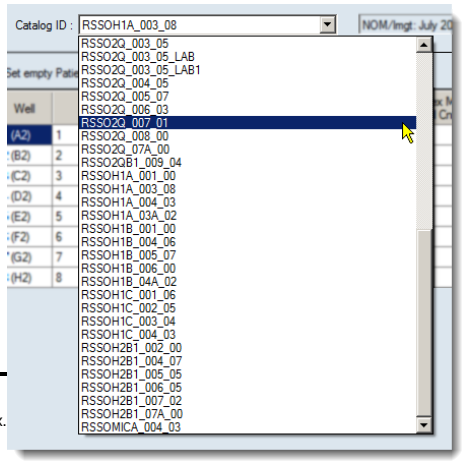
Poderá atribuir automaticamente a ID de amostra aos campos de Patient ID (ID de paciente) vazios selecionando a caixa de verificação para ***Set empty Patient ID to Sample*** (Definir ID de paciente vazia para amostra).

11. Selecione um ficheiro de catálogo. O método de seleção do ficheiro de catálogo varia dependendo do ficheiro CSV e dos ficheiros de catálogo que possa ter importado anteriormente para o LABType.

**Nota:** Se for necessário importar mais catálogos, clique na ligação **[Download]** (Transferir) na Página inicial do LABtype. A lista pendente de Catalog (Catálogo) poderá não ser imediatamente atualizada se tiver transferido os catálogos durante a sessão de importação atual. Poderá ser necessário clicar no botão de **Página inicial** e , em seguida, clique novamente no botão **LABType** para voltar ao processo de importação.

- Se o ficheiro CSV especificar um nome de modelo (apenas se aplica aos ficheiros CSV do Luminex 2.2 e posterior)e um dos ficheiros de catálogo disponíveis for associado a esse modelo e, em seguida, todas as novas sessões com o mesmo modelo selecionarão automaticamente esse catálogo.

**Listagem de catálogos**




Conforme ilustrado aqui, também poderá selecionar um ficheiro de catálogo diferente do que o Fusion selecionou utilizando a lista pendente no campo Catalog ID (ID de catálogo) e selecionando qualquer ficheiro de catálogo indicado.

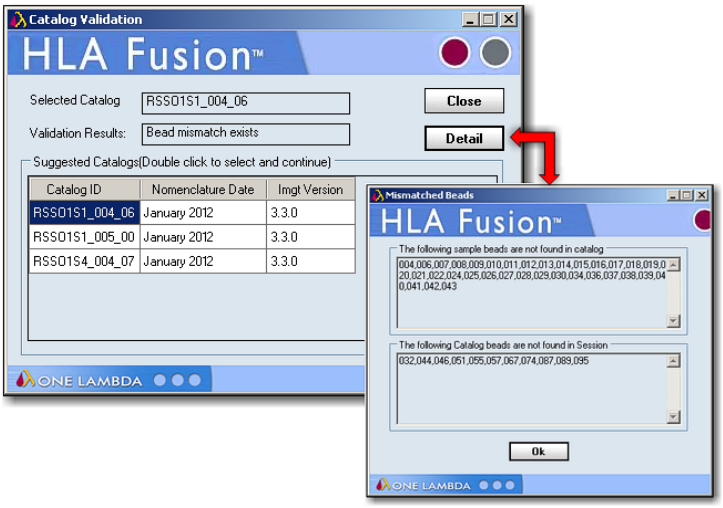
Se não existir correspondência de modelos, o sistema considera então a correspondência de esferas mais próxima entre a sessão e todos os ficheiros de catálogo disponíveis. Se apenas um ficheiro de catálogo for uma

correspondência próxima, é automaticamente selecionado e poderá verificar se existem amostras que tenham sido assinaladas como tendo um Controlo Positivo baixo (PC) ou esferas baixo.

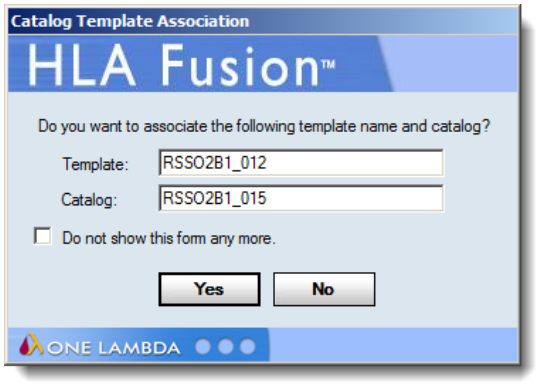
12. Se existir mais do que uma correspondência, é apresentada uma caixa de diálogo de validação de catálogo com as melhores correspondências de esferas. Poderá confirmar o ficheiro de catálogo selecionado clicando simplesmente no botão **Close** (Fechar). Ou poderá clicar duas vezes num nome de ficheiro de catálogo na lista de **Suggested Catalogs** (Catálogos sugeridos).

Clicar no botão **Detail** Detail (Detalhe) no ecrã **Catalog Validation** (Validação de catálogo) abre a janela **Mismatched Beads** (Esferas sem correspondência) que indica que esferas não foram encontradas na sessão e/ou catálogo.

**Validação de catálogo**




Clique no botão **OK** OK para fechar.




**Associação de catálogo**

Após a validação do ficheiro de catálogo, o Fusion poderá perguntar se gostaria de associar o nome de modelo ao ficheiro de catálogo especificado.

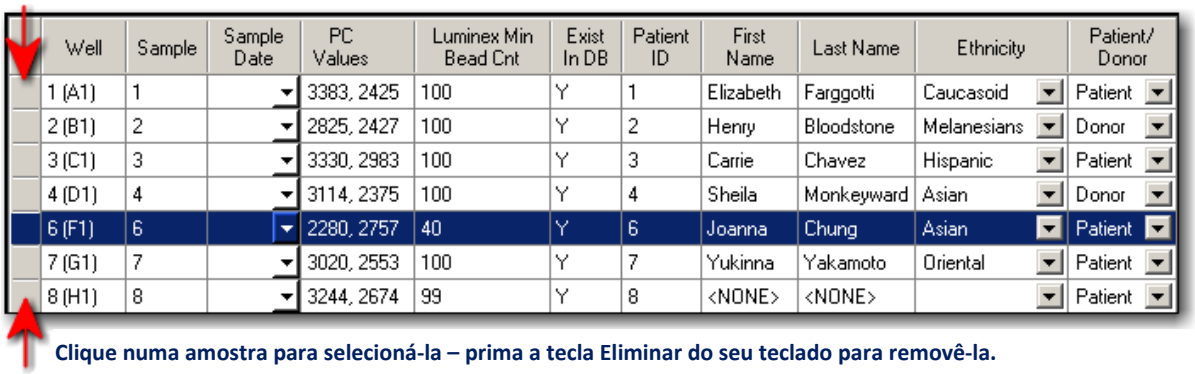
Se clicar em **Yes** (Sim) para associar os dois, o sistema seleciona automaticamente este ficheiro de catálogo para importações futuras de quaisquer ficheiros CSV que referem este modelo.

**Nota:** Se o catálogo e modelo incorretos forem associados, reveja a secção *Associar ficheiros de catálogos de produtos e modelos Luminex*, para obter instruções sobre como remover a associação.

Verifique se existem amostras que tenham sido assinaladas como tendo um Controlo positivo baixo (PC) ou uma Contagem de esferas baixa; as filas de PC baixo ou as amostras de Contagem de esferas baixas estão realçadas a **Cinzento**.

Poderá querer eliminar estas amostras porque frequentemente diminuem a velocidade da análise. Contudo, essa remoção significa que já não necessita mais de localizar essas amostras. Proceda da seguinte forma se pretender eliminar qualquer uma destas amostras:

13. Clique na extremidade da esquerda da coluna da posição Well (Poço) para realçar toda a fila da amostra.



| Well | Sample | Sample Date | PC Values | Luminex Min Bead Cnt | Exist In DB | Patient ID | First Name | Last Name | Ethnicity | Patient/ Donor |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 (A1) | 1 | | 3383, 2425 | 100 | Y | 1 | Elizabeth | Farggotti | Caucasoid | Patient |
| 2 (B1) | 2 | | 2825, 2427 | 100 | Y | 2 | Henry | Bloodstone | Melanesians | Donor |
| 3 (C1) | 3 | | 3330, 2983 | 100 | Y | 3 | Carrie | Chavez | Hispanic | Patient |
| 4 (D1) | 4 | | 3114, 2375 | 100 | Y | 4 | Sheila | Monkeyward | Asian | Donor |
| 6 (F1) | 6 | | 2280, 2757 | 40 | Y | 6 | Joanna | Chung | Asian | Patient |
| 7 (G1) | 7 | | 3020, 2553 | 100 | Y | 7 | Yukinna | Yakamoto | Oriental | Patient |
| 8 (H1) | 8 | | 3244, 2674 | 99 | Y | 8 | <NONE> | <NONE> | | Patient |

**Clique numa amostra para selecioná-la – prima a tecla Eliminar do seu teclado para removê-la.**

14. Prima a tecla **Eliminar** Del do teclado do seu computador para remover a amostra e impedi-la de ser importada como parte da sessão.

15. Depois de verificadas as informações relativas à sessão e à amostra, clique no botão **Import** Import (Importar). A sessão acabada de importar é apresentada na árvore do **Navigator** (Navegador) a **Azul** na parte superior da lista.

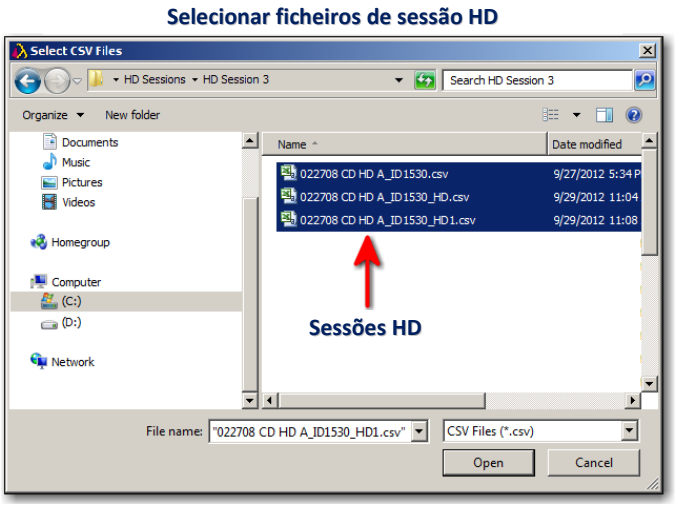
Se selecionou a caixa de verificação **Auto Analysis** (Análise automática), a sessão é importada e também analisada quando clicar em **Import** (Importar) e é apresentada no Navigator (Navegador) do Fusion como sessão analisada.

Poderá continuar a importar Ficheiros de sessão Luminex ou poderá clicar numa sessão no Navigator (Navegador) para iniciar uma Batch Analysis (Análise do lote).

**Nota:** Quando um ficheiro CSV tiver sido importado, deixa de ser apresentado na lista de importar sessões Luminex, a menos que selecione a caixa de verificação **Include Imported** Include Imported (Incluir importados). Isto poderá ser utilizado para voltar a importar uma sessão com um novo nome e/ou utilizador.

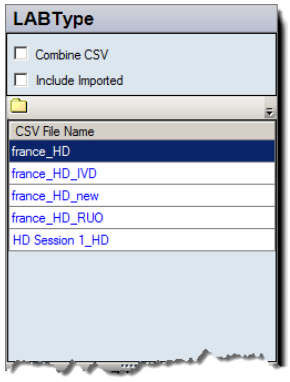
## Adquirir dados de sessão LABType (HD)

Para apresentar uma listagem de sessão(ões) HD na lista de Nomes de ficheiros CSV:



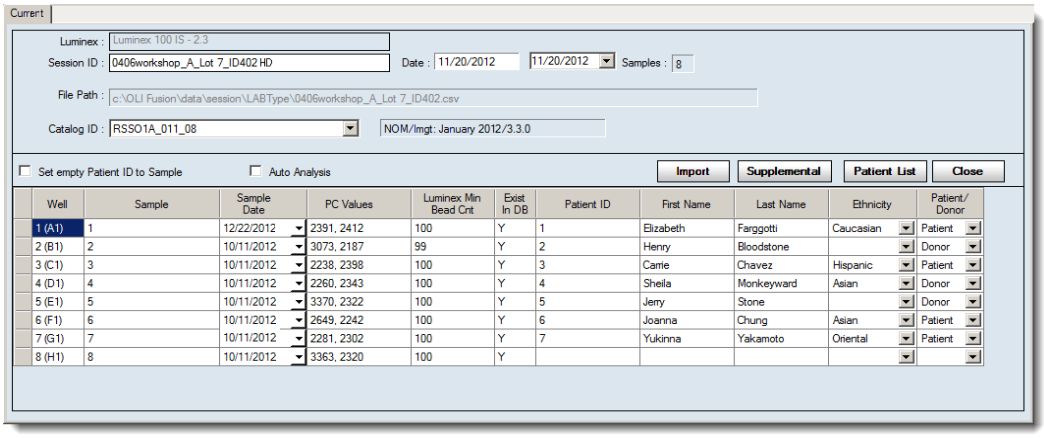

1. Clique no ícone de **Pasta** . O ecrã **Select CSV Files** (Selecionar ficheiros CSV) é apresentado. Note que poderá ter de abrir sessões HD a partir de um local que não seja o caminho predefinido para ficheiros LABType. Depois de clicar o ícone de pasta, procure o local onde os ficheiros HD LABType estão armazenados no seu sistema/rede.
2. Clique no botão **Open** Open (Abrir).

**Nota:** O HLA Fusion converte dados de ficheiros CSV gerados pelo Luminex, como data e hora, para o código regional local se for especificado um código regional no ficheiro CSV. (*Não é possível especificar um código regional para ficheiros CSV criados como software Luminex, versão 2.2 ou anterior.*) Se o primeiro campo da data estiver realçado a amarelo, indica uma correspondência de código regional errada. Neste caso, recomenda-se que utilize o seletor pendente no segundo campo da data para escolher a data adequada, tendo em consideração as diferenças regionais de formato de data.




3. Selecione uma sessão HD na lista de Nomes de ficheiros CSV para apresentar as amostras que tem associadas na tabela atual de **Detalhes de amostras/pacientes**, conforme indicado abaixo.

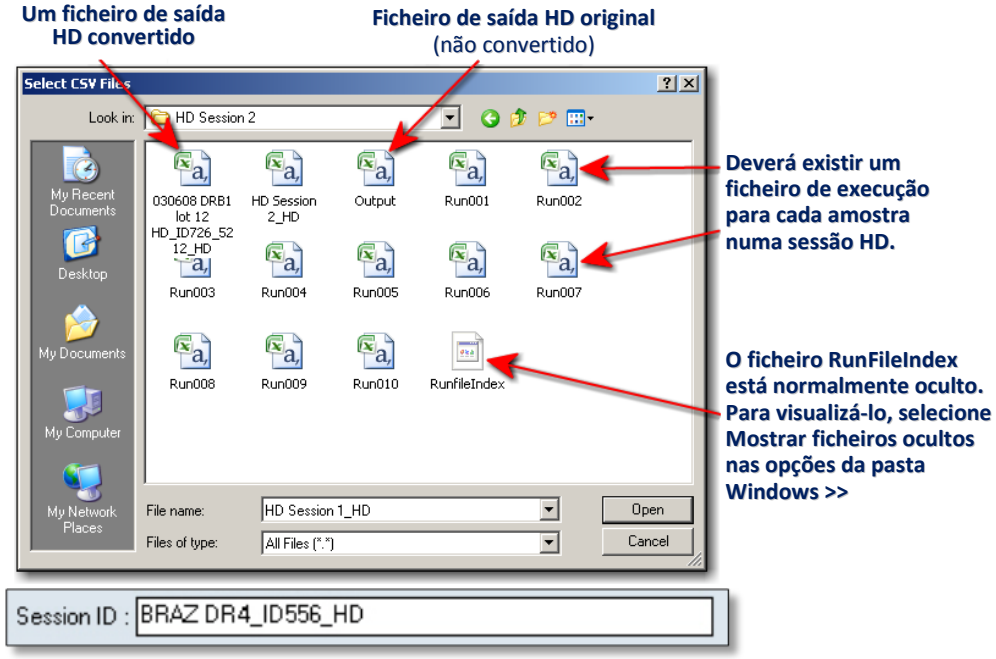
**Amostras HD na tabela atual de detalhes de amostras/pacientes**


Current
Luminex : Luminex 100 IS - 2.3
Session ID : 0406workshop_A_Lot 7_ID402 HD
Date : 11/20/2012 11/20/2012 Samples : 8
File Path : c:\OLI Fusion\data\session\LABType\0406workshop_A_Lot 7_ID402.csv
Catalog ID : RSSO1A_011_08 NOM/Imgt: January 2012/3.3.0
Set empty Patient ID to Sample Auto Analysis
Import Supplemental Patient List Close

| Well | Sample | Sample Date | PC Values | Luminex Min Bead Cnt | Exist In DB | Patient ID | First Name | Last Name | Ethnicity | Patient/ Donor |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 (A1) | 1 | 12/22/2012 | 2391, 2412 | 100 | Y | 1 | Elizabeth | Farggotti | Caucasian | Patient |
| 2 (B1) | 2 | 10/11/2012 | 3073, 2187 | 99 | Y | 2 | Henry | Bloodstone | | Donor |
| 3 (C1) | 3 | 10/11/2012 | 2238, 2398 | 100 | Y | 3 | Carrie | Chavez | Hispanic | Patient |
| 4 (D1) | 4 | 10/11/2012 | 2260, 2343 | 100 | Y | 4 | Sheila | Monkeyward | Asian | Donor |
| 5 (E1) | 5 | 10/11/2012 | 3370, 2322 | 100 | Y | 5 | Jerry | Stone | | Donor |
| 6 (F1) | 6 | 10/11/2012 | 2649, 2242 | 100 | Y | 6 | Joanna | Chung | Asian | Patient |
| 7 (G1) | 7 | 10/11/2012 | 2281, 2302 | 100 | Y | 7 | Yukinna | Yakamoto | Oriental | Patient |
| 8 (H1) | 8 | 10/11/2012 | 3363, 2320 | 100 | Y | | | | | |

**Atenção:** **Luminex 2.2/2.3:** Certifique-se de que seleciona o ficheiro CSV no mesmo diretório que contém todos os ficheiros de execução e o ficheiro de índice de execução (*um ficheiro geralmente oculto no diretório*) que foram gerados pela máquina Luminex para uma pasta uma pasta de sessão. Cada amostra na sessão deve correlacionar-se com um ficheiro de execução neste diretório. Isto é essencial se o ficheiro CSV HD ainda não estiver convertido; o HLA Fusion converte automaticamente quaisquer ficheiros HD não convertidos durante a importação, ***se*** o ficheiro de saída não convertido residir no mesmo local que os ficheiros de execução e o ficheiro de índice de execução para essa sessão.

**xPONENT 3.1:** O ficheiro de saída pode estar localizado em qualquer ponto. Não existe nenhum ficheiro de índice de execução. Mas os ficheiros de execução devem estar juntos num diretório que esteja estruturado com o diretório de sessão e, por baixo disso, os ficheiros de execução.




**Listagem de sessão HD** (Luminex 2.2/2.3)

O Fusion atribui uma ID de sessão por defeito. Opcionalmente, poderá alterar a ID de sessão. Se o ficheirosHD não tiver sido convertido, receberá o nome *Output* (Saída) até ser importado, altura em que terá o nome da pasta de sessão de saída original (independentemente de ter ou não renomeado a pasta) seguido de "**_HD**."

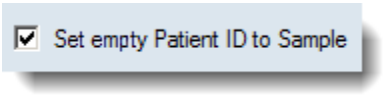
**Nota:** Uma **ID de sessão** deve ser *exclusiva* na base de dados do Fusion. Se a ID de sessão já existir, o software pede-lhe que altere o nome da sessão. Recomenda-se vivamente que não utilize carateres especiais neste campo, uma vez que podem desempenhar uma função específica enquanto separadores de campo.

**Nota:** Para visualizar o ficheiro **RunFileIndex** utilizando o Windows XP, abra o Explorador do Windows e clique no botão **Pastas**. Em seguida, clique em **Ver** na **Barra de título** do Windows e selecione **Opções de pastas** no meu pendente. Agora, clique no separador **Ver** e percorra para baixo os **Ficheiros e pastas ocultos**. Selecione **Mostras ficheiros e pastas ocultos** e Sair. Ao visualizar uma seleção de ficheiros CSV, altere **Files of type** (Ficheiros do tipo) para **All Files** (Todos os ficheiros), para revelar o ficheiro RunFileIndex. No Windows Vista e Windows 7, abra o Explorador do Windows e selecione **Tools >> Folder Options** (Ferramentas >> Opções de pastas). Em seguida, clique no separador **Ver** e selecione **Mostras ficheiros, pastas e unidades ocultos**. Se alterar o nome de uma sessão, não mude para *saída* porque está reservado para o ficheiros de saída HD original.

**Nota:** O botão **Supplemental** (Suplementar) pode ser utilizado para adicionar outras sessões à atual (por ex., suplementar sessões locus B com B7) para análise. Isto não funcionar para combinações de tipos de teste diferentes (como locus A e locus B).

Se uma amostra já estiver associada a um paciente, é apresentada a ID de paciente e qualquer informação relacionada com o paciente.

4. Para adicionar informações de paciente, proceda da seguinte forma:
   - Para adicionar dados existentes do sistema, clique duas vezes na coluna **Patient ID** (ID de paciente) da tabela **Sample/Patient Details** (Detalhes de amostras/pacientes) ou clique no botão **Patient List** (Lista de pacientes) na barra de ferramentas. A janela **Import Patient** (Importar paciente) é apresentada, permitindo importar o ficheiro de informações do paciente.
   - Para adicionar manualmente dados de paciente, basta introduzir dados nos campos da tabela relacionados com o paciente.
   - Poderá atribuir a ID de amostra a campos de Patient ID (ID de paciente) vazios selecionando a caixa de verificação para **Set empty Patient ID to Sample** Definir ID de paciente vazia para amostra).



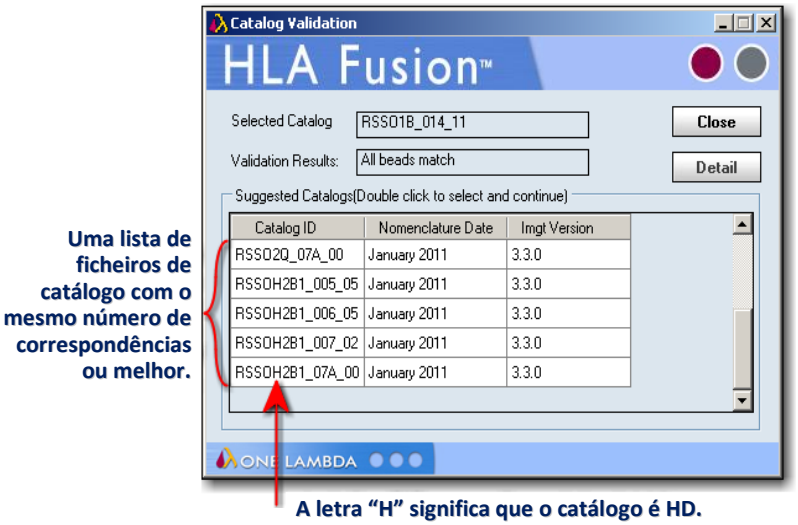

5. Selecione um ficheiro de catálogo. O seu método de seleção de catálogo poderá ser um dos seguintes, dependendo do ficheiro CSV e dos ficheiros de catálogo que importou para o LABType:

**Nota:** Se não existirem ficheiros de catálogo disponíveis, reveja a secção *Acessórios* deste manual para obter as instruções sobre como adicionar novos ficheiros de catálogo à base de dados.

- Se o ficheiro CSV especificar um nome de modelo (*apenas aplicável a ficheiros CSV do Luminex 2.2 e posterior*) e um dos ficheiros de catálogo disponíveis estiver associado a esse modelo, então esse ficheiro de catálogo é automaticamente selecionado. Se pretender selecionar um ficheiro de catálogo diferente, poderá utilizar a lista pendente no campo Catalog ID (ID de catálogo) para selecionar quaisquer outros ficheiros de catálogo aqui indicados.

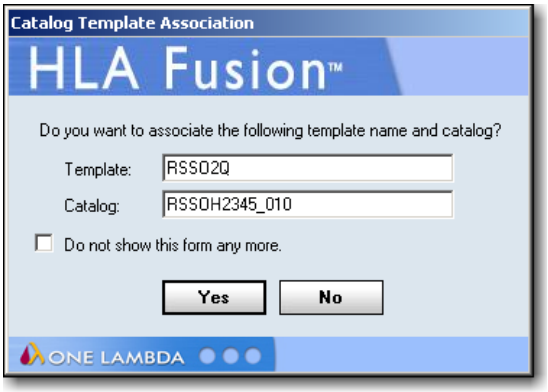
- Se não existir correspondência de modelos, o sistema considera então a correspondência de esferas mais próxima entre a sessão e todos os ficheiros de catálogo disponíveis. É apresentada uma caixa de diálogo de validação. Poderá confirmar o ficheiro de catálogo selecionado clicando simplesmente no botão **Close** Close (Fechar). Ou clicar duas vezes em outro nome de catálogo na lista de Suggested Catalogs (Catálogos sugeridos).

**Nota:** Os catálogos sugeridos na caixa de diálogo de validação poderão incluir também catálogos que não sejam HD. Poderá identificar um catálogo HD pelo 'H' no nome (por ex., RSSO**H**2B1_003_05).




6. Após a validação do ficheiro de catálogo, o sistema poderá perguntar se gostaria de associar o nome de modelo ao ficheiro de catálogo especificado. Se associar os dois, todas as sessões novas com o mesmo modelo irão selecionar automaticamente este catálogo.

**Associação de modelos de catálogo**



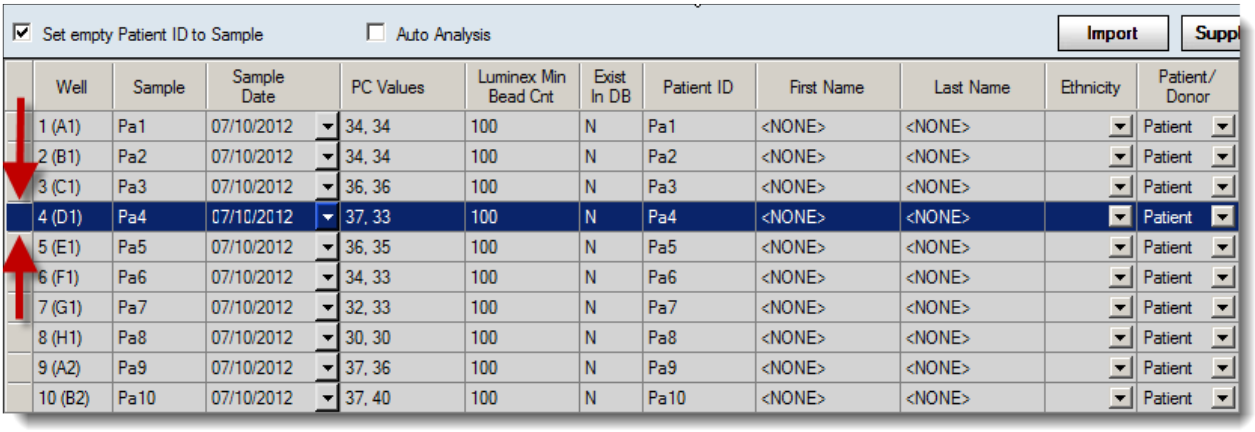
**Nota:** Se o catálogo e modelo incorretos forem associados como no exemplo acima, reveja a secção *Associar ficheiros de catálogos de produtos e modelos Luminex* para obter as instruções sobre como remover a associação.

Verifique se existem amostras que tenham sido assinaladas como tendo um Controlo positivo baixo (PC) ou uma Contagem de esferas baixa; as filas de PC baixo ou as amostras de Contagem de esferas baixas estão realçadas a **Cinzento**.

Poderá querer eliminar estas amostras porque frequentemente diminuem a velocidade da análise. Contudo, essa remoção significa que já não necessita mais de localizar essas amostras.

Proceda da seguinte forma se pretender eliminar qualquer uma destas amostras:

7. Clique na extremidade **Cinzenta** da esquerda da coluna da posição Well (Poço) para realçar toda a fila da amostra.



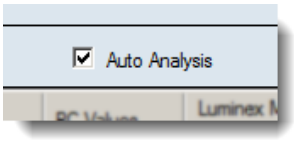

| Well | Sample | Sample Date | PC Values | Luminex Min Bead Cnt | Exist In DB | Patient ID | First Name | Last Name | Ethnicity | Patient/ Donor |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 (A1) | Pa1 | 07/10/2012 | 34, 34 | 100 | N | Pa1 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 2 (B1) | Pa2 | 07/10/2012 | 34, 34 | 100 | N | Pa2 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 3 (C1) | Pa3 | 07/10/2012 | 36, 36 | 100 | N | Pa3 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 4 (D1) | Pa4 | 07/10/2012 | 37, 33 | 100 | N | Pa4 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 5 (E1) | Pa5 | 07/10/2012 | 36, 35 | 100 | N | Pa5 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 6 (F1) | Pa6 | 07/10/2012 | 34, 33 | 100 | N | Pa6 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 7 (G1) | Pa7 | 07/10/2012 | 32, 33 | 100 | N | Pa7 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 8 (H1) | Pa8 | 07/10/2012 | 30, 30 | 100 | N | Pa8 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 9 (A2) | Pa9 | 07/10/2012 | 37, 36 | 100 | N | Pa9 | <NONE> | <NONE> | | Patient |
| 10 (B2) | Pa10 | 07/10/2012 | 37, 40 | 100 | N | Pa10 | <NONE> | <NONE> | | Patient |

**Realçar uma fila de amostras para eliminação**

8. Prima a tecla **Delete** Del do teclado para remover a amostra e impedi-la de ser importada como parte da sessão.

9. Depois de verificadas as informações relativas à sessão e à amostra, clique no botão **Import** Import (Importar).

   A sessão é apresentada agora a **Azul** na parte superior da árvore do **Navigator** (Navegador).




Se selecionou a caixa de verificação **Auto Analysis** (Análise automática), a sessão foi importada e analisada quando clicou no botão Import (Importar).

A sessão é agora apresentada no Navigator (Navegador) como sessão **Analyzed** (Analisada).

Poderá continuar a importar mais ficheiros Luminex ou clicar numa Sessão no **Navigator** (Navegador) para iniciar uma **Batch Analysis** (Análise do lote).

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Quando um ficheiro CSV tiver sido importado, deixa de ser apresentado na lista de importar sessões Luminex a menos que selecione a caixa de verificação **Include Imported CSV** (Incluir CSV importados). |

# Analisar sessões Exon 4+

O HLA permite analisar dados Exon 4+ com amostras LABType genéricas HD ou sem serem HD para fornecer resultados de resolução mais elevada. Poderá aplicar resolução Exon 4+ a dados de tipologia de locus A, B ou C.

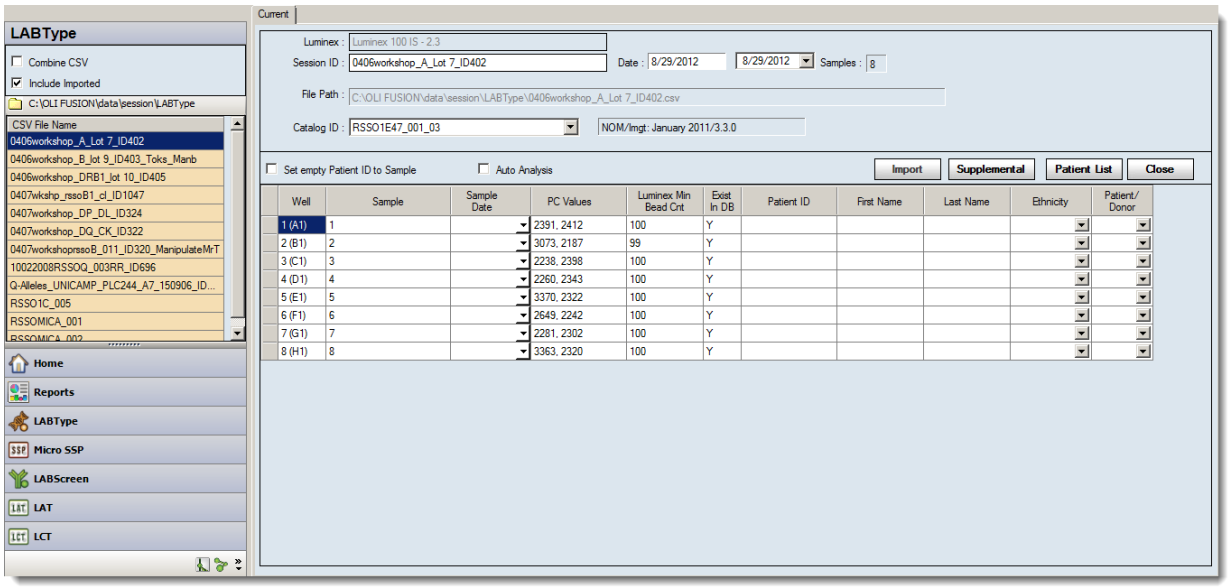
Proceda desta forma para analisar amostras LABType com resolução Exon 4+:

1. Clique no botão **LABType**

.

É apresentada a página inicial LABType.

**Página inicial LABType (Exon 4+)**



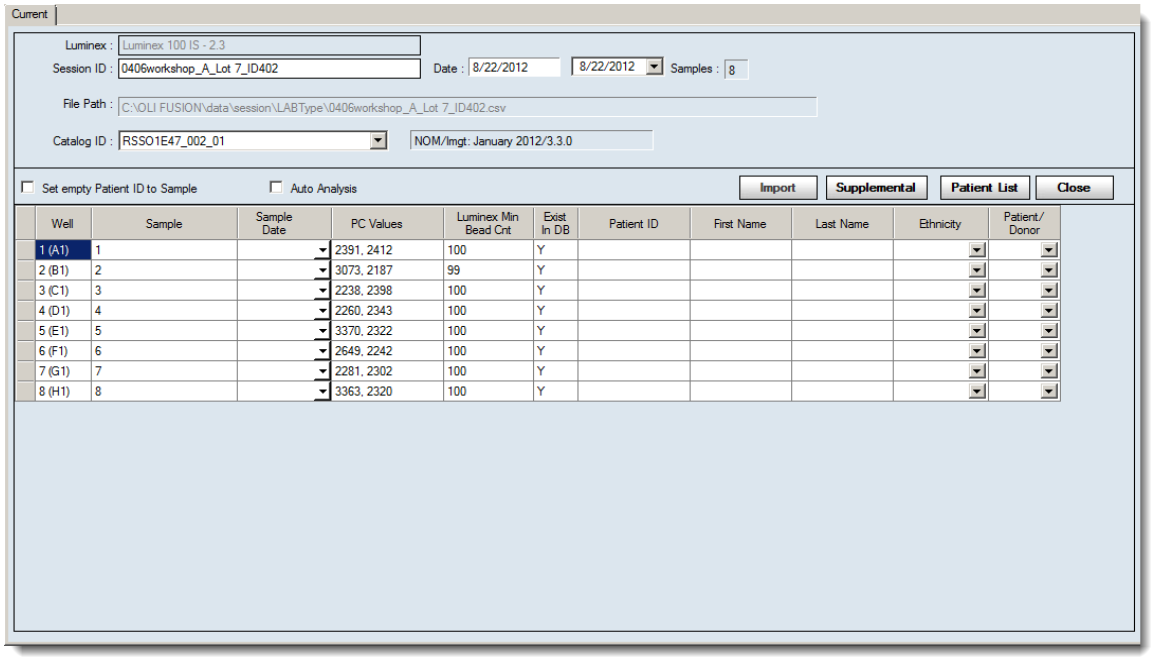

2. Clique na ligação **[Download]** (Transferir) no canto superior direito da página inicial LABType e transferira os catálogos necessários para analisar amostras LABType genéricas de locus A, B e/ou C locus e Exon 4+ LABType (por ex., **`RSSO1E_001_00.cat`**).

3. Selecione ficheiros da lista de ficheiros CSV no lado esquerdo da página inicial LABType que pretende importar para complementar com dados Exon 4+.

   - Ou clique no ícone de **Pasta** e procure o(s) ficheiro(s) CSV LABType no seu sistema/rede para localizar e selecionar ficheiros CSV.

É apresentada a tabela de detalhes de sessão/paciente.

**Importar sessão LABType (Exon 4+)**




4. **Importe** as sessões que contêm amostras que pretende complementar com dados Exon 4+ seguindo o mesmo processo que utilizou anteriormente para importar ficheiros CSV para o Fusion.

5. Utilize a janela de análise LABType do Fusion para analisar as amostras que pretende utilizar em análise com o Exon 4+.

6. Clique no botão **LABType** para voltar à página inicial LABType.

7. Certifique-se de que transferiu o catálogo(s) do Exon 4+ (por ex., **`RSSO1E_001_00.cat`**). Se ainda não o fez, clique na ligação **[Download]** (Transferir) no canto superior direito da página inicial LABType e transfira o catálogo(s) necessário(s).

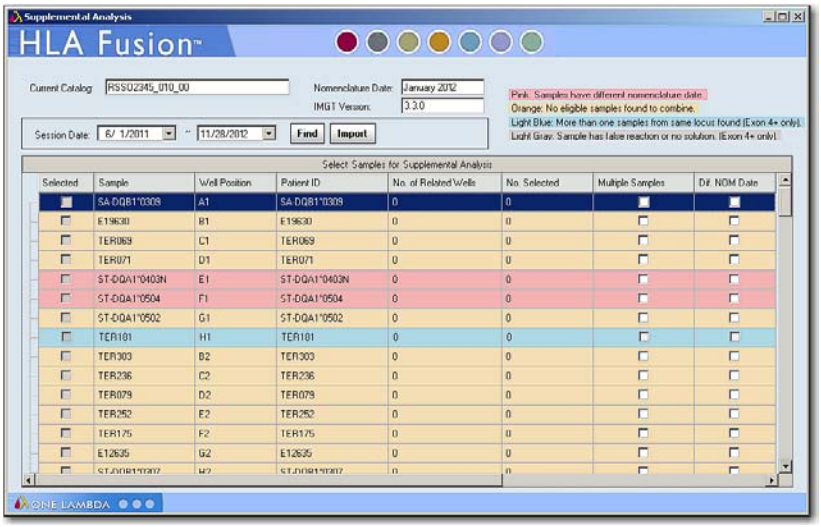
8. Depois do(s) catálogo(s) do Exon 4+ terem sido adicionados ao seu computador ou rede, selecione sessões Exon 4+ na lista de ficheiros CSV no lado esquerdo da página inicial LABType.

    - Ou clique no ícone de **Pasta** acima da lista para procurar o(s) ficheiro(s) CSV LABType no seu computador ou rede para localizar e selecionar ficheiros CSV Exon 4+.

9. Isto irá apresentar as amostras Exon 4+ na **Tabela de detalhes de sessão** no lado direito da janela LABType.

10. Clique no botão **Supplemental** (Suplementar) (*note que o botão Import [Importar] não está disponível nas sessões Exon 4+*). É apresentada a janela Supplemental Analysis (Análise complementar).

**Seleção de sessão complementar** (Exon 4+)




O Fusion associa automaticamente amostras Exon 4+ com amostras genéricas do mesmo locus. A cor de fundo da fila indica o seguinte:

- Nomenclatura errada, datas diferentes: **Cor de rosa**
- Não foram encontradas amostras para associar com a amostra Exon 4+ específica: **Laranja**
- Mais do que uma amostra associada a uma única Exon 4+: **Azul ciano**
- A amostra tem uma reação falsa ou não apresenta solução: **Cinzento claro**

Certifique-se de que as amostras que pretende associadas para a análise complementar estão selecionadas.

**Nota:** Só é possível associar uma amostra a cada Exon 4+ por locus. Se existir mais do que uma amostra genérica disponível para associação ao Exon 4+ de um locus em particular, o sistema seleciona por defeito a amostra mais recentemente criada. Poderá selecionar uma amostra mais antiga, se desejado.

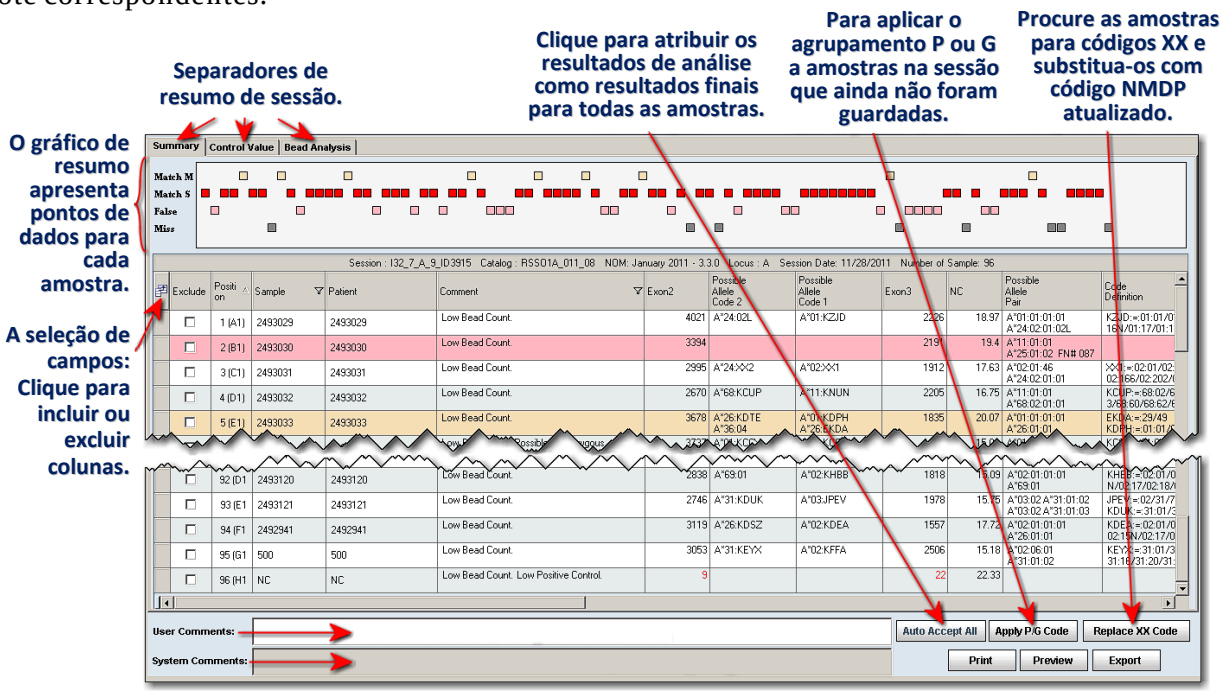
Os dados Micro SSP podem ser combinados com dados Exon 4+ apenas *depois* de terem sido combinados com dados LABType. Os dados LABType combinados com Exon 4+ *não podem* ser combinados com dados Micro SSP.

11. Clique no botão **Import** Import (Importar).

A sessão suplementar e todas as amostras associadas são apresentadas no Navigator (Navegador) do Fusion onde o poderá selecionar para analisar na janela de análise do LABType.

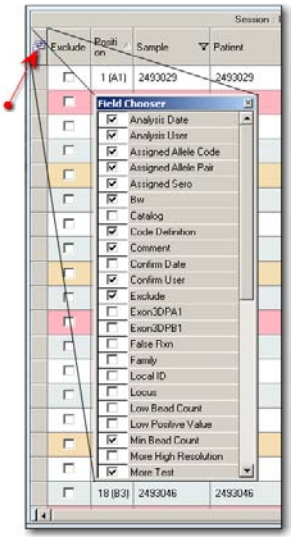
# Resumo de sessão LABType

A página de resumo de sessão pode ser iniciada clicando numa sessão na árvore de navegação. Apresenta uma pré-visualização dos resultados de análise, indicando cada amostra na sessão e resultados de análise de lote correspondentes.


Separadores de resumo de sessão.
Clique para atribuir os resultados de análise como resultados finais para todas as amostras.
Para aplicar o agrupamento P ou G a amostras na sessão que ainda não foram guardadas.
Procure as amostras para códigos XX e substitua-os com código NMDP atualizado.
O gráfico de resumo apresenta pontos de dados para cada amostra.
A seleção de campos: Clique para incluir ou excluir colunas.
Summary
Control Value
Bead Analysis
Match M
Match S
False
Miss
User Comments:
System Comments:
Auto Accept All
Apply P/G Code
Replace XX Code
Print
Preview
Export

Página de resumo de sessão LABType

## A seleção de campos de resumo de sessão




Clique no botão **Field Chooser** (Seleção de campos) na extremidade esquerda dos cabeçalhos da tabela. Surge Field Chooser (Seleção de campos). Isto permite-lhe selecionar ou limpar as caixas de verificação junto aos cabeçalhos das colunas para incluir ou excluir aquelas colunas da tabela de resumo. Selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação nesta janela atualiza instantaneamente a tabela.

Também poderá reorganizar a ordem dos campos utilizando a ordem dos campos utilizando o ponteiro do rato para arrastar e largar um qualquer nome de campo num novo local no Field Chooser (Seleção de campos).

Quando fecha a opção Field Chooser (Seleção de campos), é apresentada uma mensagem para permitir que o utilizador guarde ou não as alterações efetuadas. Se clicar em Yes (Sim), as suas alterações são guardadas para todos os futuros resumos da sessão do LABType neste mesmo computador até se guardarem outras modificações.

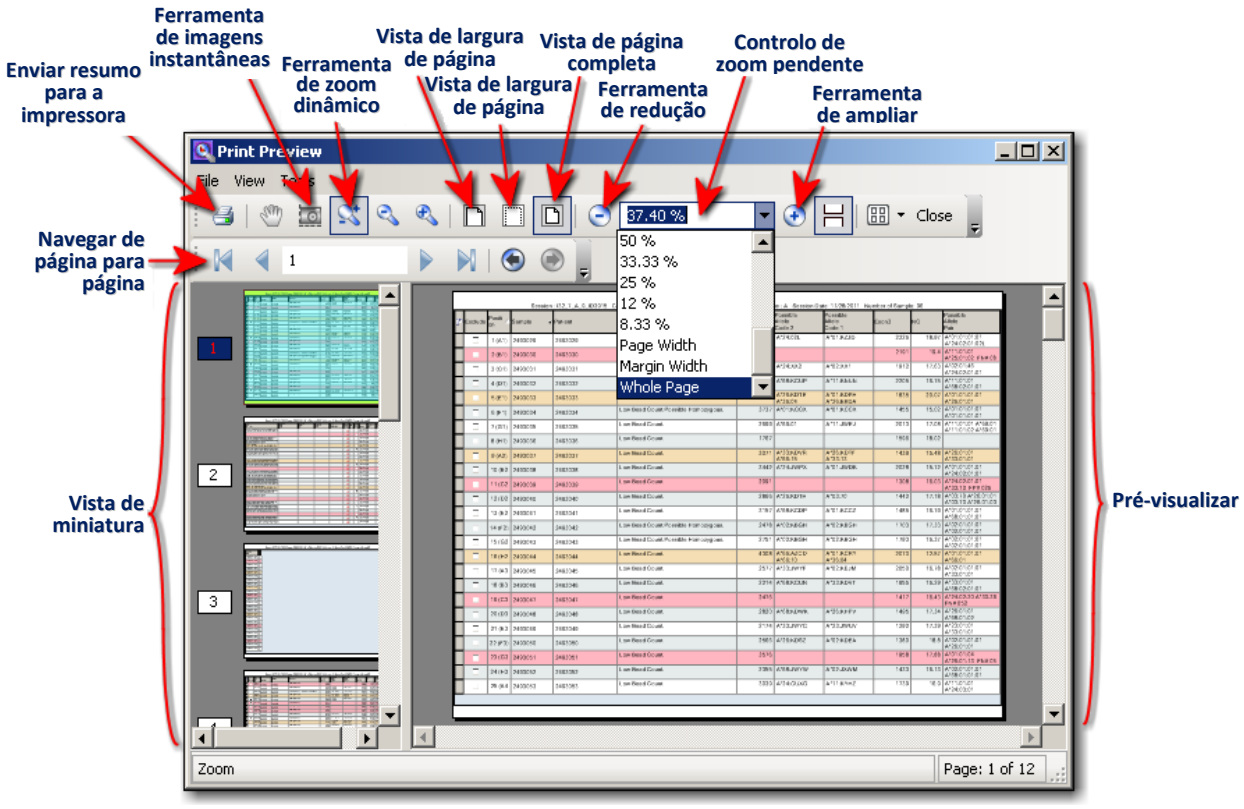
**Nota:** Se não visualizar um campo particular disponível no campo de seleção de campo e tiver a certeza de que deveria existir, aceda a `C:\HLA Fusion\temp` e elimine o ficheiro denominado **`Labtype_Layout.xml`**.

### Botões para exportar, pré-visualizar e imprimir

Clicar no botão **Export** Export (Exportar) na barra de ferramentas do Fusion irá formatar o Resumo como ficheiro de folha de cálculo Microsoft Excel. O Fusion sugere um **Session Name** (Nome de sessão) para a folha de cálculo, mas é possível alterá-lo.

Clicar no botão **Print Preview** (Pré-visualizar) na barra de tarefas do Fusion não abre apenas uma nova janela que mostra o aspeto de uma nova sessão ao imprimir, mas também permite selecionar as páginas e/ou partes específicas de páginas que pretende imprimir.

Ao clicar o botão **Print** Print (Imprimir), o Resumo é enviado diretamente para a impressora.




**Ecrã Print Preview (Pré-visualizar)**

Clicar no botão **Print** (Imprimir) no ecrã **Print Preview** (Pré-visualizar) irá enviar as imagens que escolheu diretamente para a sua impressora.

## Separadores de resumo de sessão LABType

### Separador de resumo

O **separador de resumo de sessão** apresenta um **gráfico de resumo de resultados**. O gráfico apresenta a qualidade de resultados de análise de lote para cada amostra:

- **Match M** (Compatibilidade M) indica múltiplos resultados compatíveis (**Laranja**)
- **Match S** (Compatibilidade S) indica um único resultado compatível (**Vermelho**)
- **False** (Falso) indica uma reação falsa de resultados (**Cor de rosa**)
- **Miss** (Perda) indica que não existem resultados sugeridos (**Cinzento**)

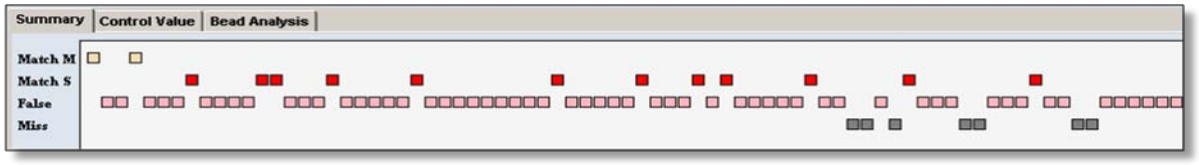
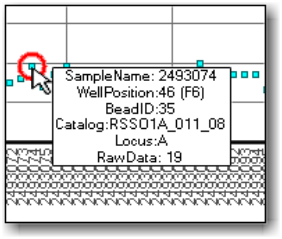



**Gráfico de resumo de resultados** (Separador Summary [Resumo])

- Clique em qualquer um dos quadrados no gráfico de resumo de resultados para apresentar a janela de análise de amostras correspondente.
- Se o botão **Auto Accept All** (Aceitar todos automaticamente) estiver ativado na parte inferior do ecrã de resumo de sessão, poderá clicar nele para atribuir os resultados possíveis como resultados finais para todas as amostras - exceto aqueles com resultados ambíguos.

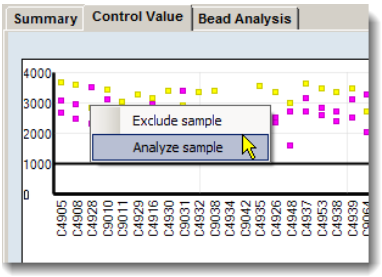
Esta função não está ativada a menos que a selecione através da opção **Molecular Product Configuration>>Molecular Analysis Configuration** (Configuração de produto molecular >> Configuração de análise molecular) no menu **Utilities** (Acessórios).

### Separador de valor de controlo




Este separador permite-lhe rever a qualidade dos valores de controlo para cada amostra. Este separador divide-se em três gráficos, todos eles com os seguintes elementos em comum:

- O eixo X indica as amostras, ordenadas por posição no poço.
- O eixo Y indica os valores de dados em bruto específicos de cada gráfico (por ex., valores de controlo positivo e negativo).
- Em qualquer gráfico, clique com o botão direito do rato para selecionar **Exclude Sample** (Excluir amostra) ou **Analyze Sample** (Analisar amostra).
- Clique duas vezes em qualquer marcador para ir para o ecrã de análise dessa amostra.
- Passar com o cursor sobre qualquer marcado apresenta a anotação da amostra.




### Resumo de controlo positivo

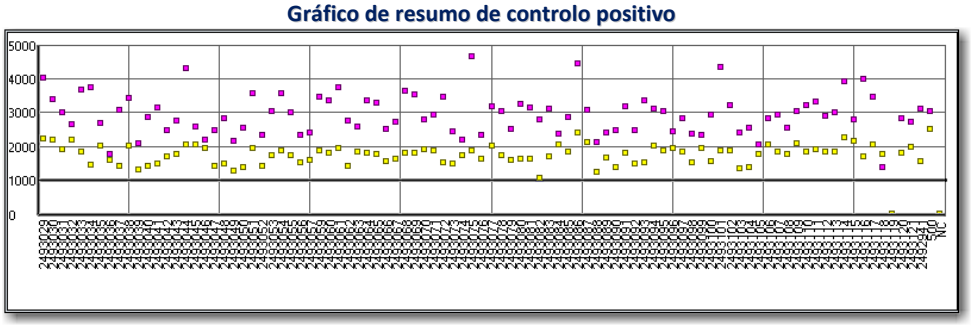
O gráfico de **Resumo de controlo positivo** (parte superior) apresenta o valor de controlo positivo para cada amostra.

- O eixo x indica os nomes de ID de amostra, ordenados por posição no poço.
- O eixo y indica os valores de dados em bruto de controlo positivo.

A barra horizontal indica o valor configurado para o controlo positivo mínimo. Este valor pode ser configurado através do menu Utilities > Molecular Product Configuration (Acessórios > Configuração de produto molecular) ou configurando definições específicas da amostra na janela de análise.

- Cada exão é representado por uma cor diferente.
- Clique duas vezes em qualquer marcador para chamar a janela de análise da amostra.

**Gráfico de resumo de controlo positivo**

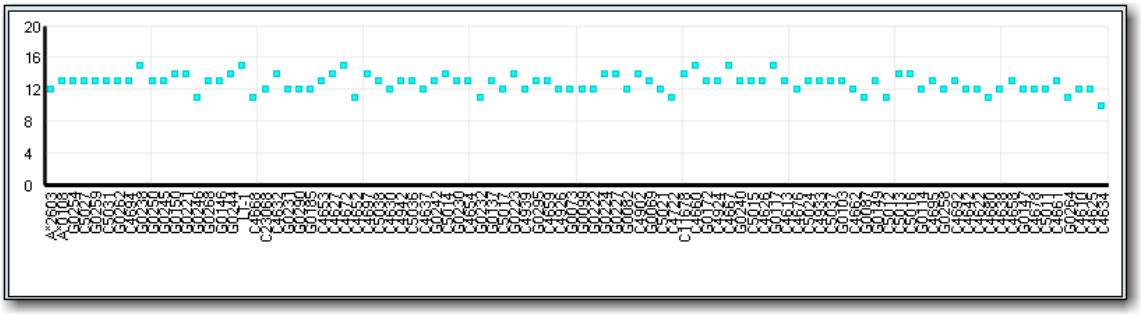


### Resumo de controlo negativo

O gráfico de **Resumo de controlo negativo** (meio) apresenta os valores de controlo negativo para cada amostra.

- O eixo X indica os nomes de ID de amostra, ordenados por posição no poço.
- O eixo Y indica os valores de dados em bruto de controlo negativo.
- Clique duas vezes em qualquer marcador para aceder à janela de análise dessa amostra.

Gráfico de resumo de controlo negativo

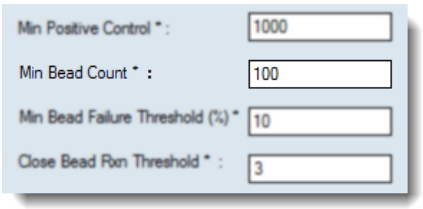



### Resumo de contagem de esferas

O gráfico de **Resumo de contagem de esferas** (inferior) apresenta a Contagem de esferas mais baixa por amostra.

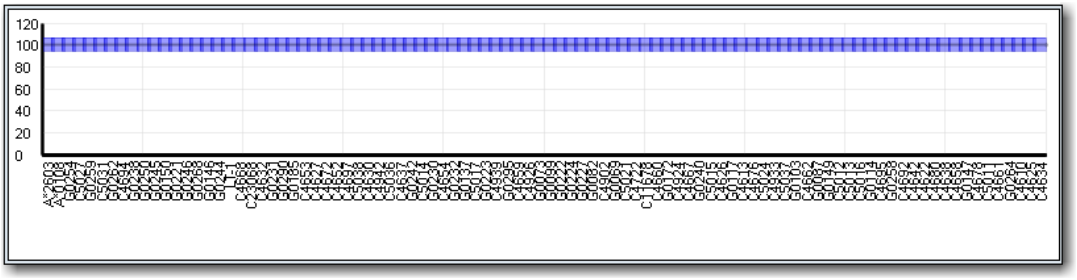
- O eixo X indica os nomes de ID de amostra, ordenados por posição no poço.
- O eixo Y indica os valores de dados em bruto de controlo negativo.

A barra horizontal indica o valor configurado para a Contagem mínima de esferas. Este valor pode ser globalmente configurado através do menu **Utilities >Molecular Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produto molecular).




Poderá configurar definições específicas da amostra diretamente na Janela de análise. Clique duas vezes em qualquer marcador para aceder à Janela de análise dessa amostra.

Gráfico de resumo de controlo negativo



## Separador de análise de esferas

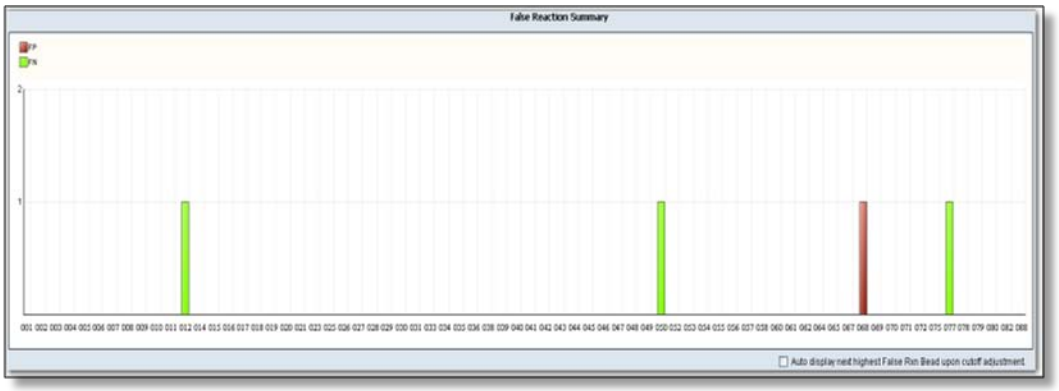
Este separador permite-lhe rever as informações de sessão globais para cada esfera. Este separador apresenta três gráficos, que são descritos nas secções seguintes.

**Separador de análise de esferas**

### Resumo de reação falsa

Com o gráfico no painel inferior, poderá rever o número de Reações falsas (*positivas e negativas*) associado a cada esfera em toda a sessão.

**Resumo de reação falsa**



A cor da barra representa o tipo de reação falsa que existe:

- Verde = falso negativo
- Vermelho = falso positivo

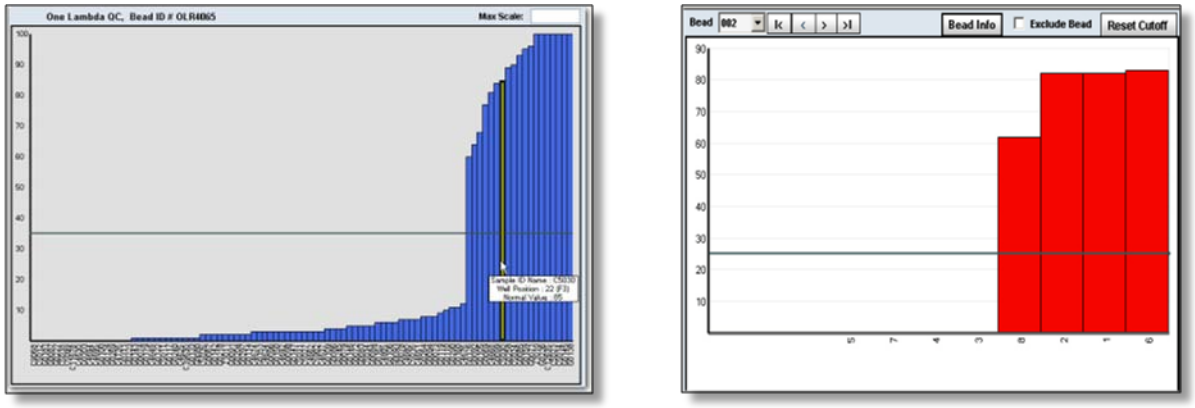
A altura da barra de cores indica o número de reações falsas para a esfera indicada.

Clicar duas vezes numa das barras deste gráfico altera os gráficos de CQ e de esferas correspondentes dessa esfera.

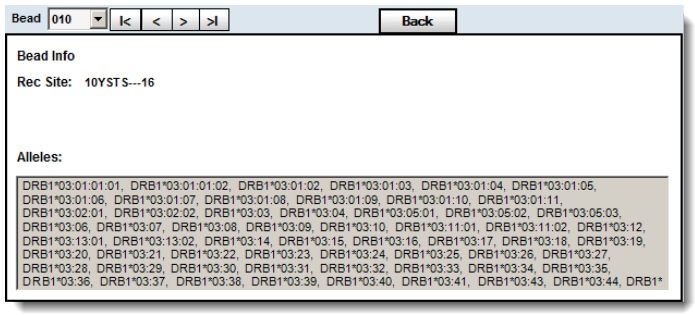
Da mesma forma, clicar duas vezes em uma das IDs de esferas juntamente com o eixo X altera os gráficos de CQ e de esferas correspondentes dessa esfera.

Os dois gráficos no painel superior comparam os perfis de esferas da sessão atual (gráfico direito) com um histograma das mesmas esferas num painel de CQ One Lambda (gráfico esquerdo). Se for utilizado um CQ local para a sessão, o histograma de CQ local é apresentado no lado esquerdo.

**Painel de CQ e gráfico de perfil de esferas**



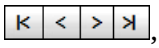

- Passe com o seu cursor pelas barras nos histogramas para apresentar as informações sobre as esferas.
- Clique com o botão direito do rato num perfil de esferas para selecionar **Exclude Sample** (Excluir amostra) ou **Analyze Sample** (Analisar amostra).
- Clique duas vezes em qualquer esfera para ir diretamente para o ecrã Analysis (Análise) dessa amostra.
- Clique no botão **Bead Info** Bead Info (Info de esferas) para ver as especificidades dos alelos da esfera atual.



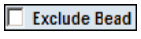

**Botão Bead Info (Info de esferas) – Especificidades dos alelos**

- Também poderá redimensionar estes gráficos colocando o seu cursor na área entre os gráficos até a imagem do cursos mudar para ↕. Em seguida, poderá clicar e arrastar o cursor para redimensionar os gráficos.

- Para representar em escala os histogramas no Gráfico de painel de CQ, introduza um valor na caixa de texto **Max Scale** (Escala máxima) e prima a **tecla Enter** no seu teclado. Isto repõe o valor do eixo Y superior do histograma do perfil de esferas para a sessão de CQ e a sessão atual.

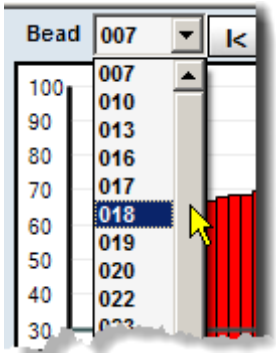
- Utilizando os botões de **Navegação de esferas**  , poderá navegar entre as esferas.

- Também poderá selecionar esferas individuais na lista pendente.

- Assinale a caixa **Exclude Bead**  (Excluir esfera) para remover a esfera atual da sessão de análise. A esfera excluída está indicada no campo de comentários com uma notificação de que a esfera foi excluída. Adicionalmente, as esferas excluídas são apresentadas nos gráficos durante a análise como barras CINZENTAS.

- Os ajustes feitos aos valores de interrupção da sonda em Bead Analysis (Análise de esferas) afetam todas as amostras nesta sessão. Pré-ajustar valores para explicar condições e testes e laboratórios individuais pode poupar tempo durante a análise alterando todas as amostras de uma vez (isto é, globalmente).

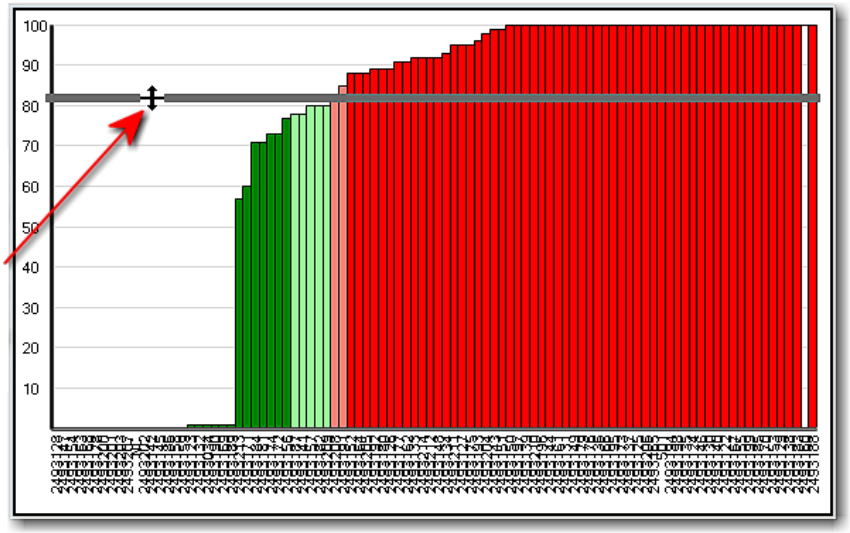
Lista pendente de esferas




Faça ajustes de valores de interrupção globais procedendo da seguinte forma:

- Clique e mantenha premida a barra de interrupção da sonda de ajuste horizontal e arraste-a para cima ou para baixo para uma nova definição de valor de interrupção.

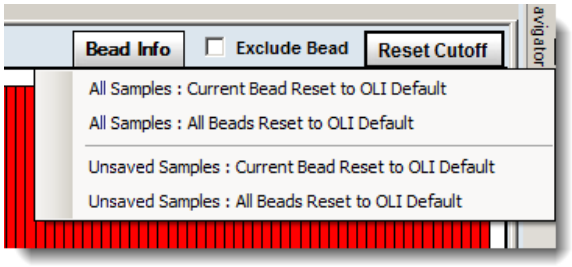
Utilizando o ponteiro o rato, arraste e largue esta linha para cima ou para baixo para ajustar a definição de valor de interrupção da sonda.




Ajustar a barra de interrupção

Para repor a interrupção, clique no botão **Reset Cutoff** (Repor valor de interrupção) e selecione uma opção e reposição na lista pendente.

**Menu Repor interrupção**


Bead Info
Exclude Bead
Reset Cutoff
All Samples : Current Bead Reset to OLI Default
All Samples : All Beads Reset to OLI Default
Unsaved Samples : Current Bead Reset to OLI Default
Unsaved Samples : All Beads Reset to OLI Default

- Ao ajustar o valor de interrupção, poderá determinar que esfera será apresentada depois do ajuste selecionando ou desmarcando a seguinte caixa de verificação na parte inferior direita da janela Bead Analysis (Análise de esferas):

063 065 069 072 077 079 082 083 084 086 087 089 090 092
Auto display next highest False Rxn Bead upon cutoff adjustment.
Auto Accept All
Apply P/G Code
Replace XX Code

- Se a caixa de verificação estiver selecionada, a esfera seguinte com Reação falsa mais elevada é apresentada depois do ajuste de valor de interrupção.
- Se a caixa de verificação não estiver selecionada, a esfera apresentada antes do ajuste de valor de interrupção ser efetuado permanece assim.

Existem dois campos de**Comentários** na parte inferior—um de **Utilizador** para registar os seus próprios comentários e um campo de **Sistema** onde o HLA Fusion regista ações recentes que efetuou na janela Summary (Resumo), como ajustar um valor de interrupção. Os comentários do sistema não podem ser editados.

**Comentários e utilizador e sistema**

## Funções gerais de resumo de sessão

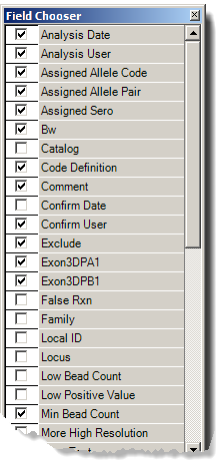
Para além da funcionalidade dos três separadores e Resumo de sessão LABType, existem outras funções que permitem manipular os dados da tabela de resumo.

Tabela de resumo de sessão

- Poderá clicar duas vezes numa amostra na tabela de resumo ou clicar uma só vez num marcador de amostra no gráfico de resumo para ir diretamente para o ecrã Analysis (Análise) para essa amostra.
- Clique duas vezes no campo User Comments (Comentários do utilizador) para adicionar ou editar as suas observações. Os comentários gerados pelo sistema não podem ser modificados.
- Clique no botão de **Seleção de campo** no lado esquerdo dos cabeçalhos da tabela. É apresentada a Field Chooser (Seleção de campo). Isto permite-lhe selecionar ou limpar as caixas de verificação junto aos cabeçalhos das colunas incluir ou excluir aquelas colunas da tabela de resumo.
- Selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação nesta janela atualiza instantaneamente a tabela.

**Nota:** Se não visualizar um campo particular disponível no campo de seleção de campo e tiver a certeza de que deveria existir, aceda a C:\HLA Fusion\temp e elimine o ficheiro denominado: **`Labtype_Layout.xml`**.

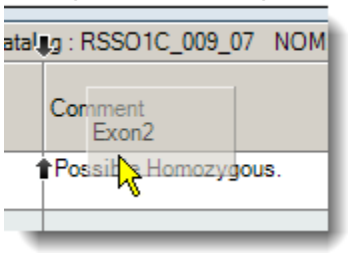
**Seleção de campo**




- Clique no cabeçalho da coluna da Tabela de resumo para ordenar a tabela por essa coluna. O **triângulo**△ no cabeçalho da coluna indica a ordem—para cima para ordem ascendente e para baixo ▽ para ordem descendente.

- Também é possível arrastar e largar as colunas para alterar a sua ordem.

**Reposicionar um campo**




- Quando fecha a opção **Field Chooser** (Seleção de campo), é apresentada uma mensagem de contexto para permitir que o utilizador guarde ou não as alterações efetuadas. Se clicar em **Yes** (Sim), as suas alterações são guardadas para todos os futuros resumos da sessão do LABType neste mesmo computador até se guardarem outras modificações.

- Clique no botão **Export** (Exportar) para guardar a Tabela de resumo no seu computador ou na rede (a localização predefinida é C:\OLI FUSION\data\report). O ficheiro é guardado no formato Excel (*.XLS).

- Clique em **Print** Print button (Imprimir) para imprimir um relatório da Tabela de resumo.

**Uma tabela e resumo exportado** *(formato de folha e cálculo Excel)*

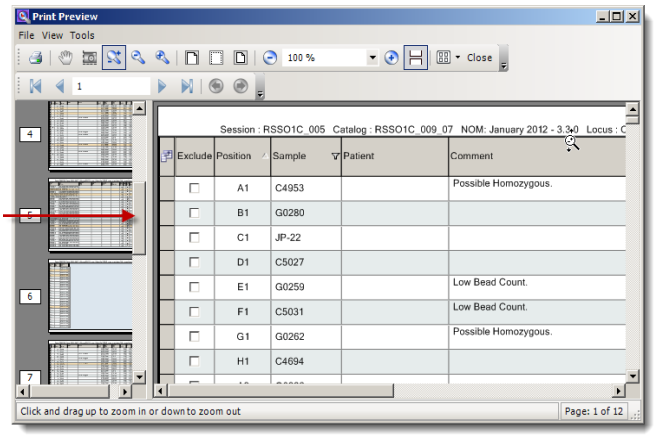
A1 fx Position

| | A | B | C | D | E | F | G | H | I | J | K | L | M | N | O | P | Q |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1 | Position | Local ID | Sample | Locus | Patient | Exon2 | Exon2 | Exon3 | Exon3 | Min Bead | NC | Possible Allele | Possible Allele | Possible Allele Pair | Other Assig | More Te | Status |
| 2 | 1 (A2) | | 1 | DQA1,DQB1 | patient1 | 3951.78 | 2704.1 | 3047.68 | 2236.86 | 100 | 14.05 | DQA1*0102 | DQA1*03XX1 | DQA1*010201 DQA1*030101 | | FALSE | Batch Imported |
| 3 | 2 (B2) | | 2 | DQA1,DQB1 | | 3406.66 | 2481.04 | 3255.3 | 1718.74 | 100 | 14.29 | DQA1*0102 | DQA1*0201 | DQA1*010201 DQA1*0201 | | FALSE | Confirmed |
| 4 | 3 (C2) | | 3 | DQA1,DQB1 | patient1 | 3495.62 | 2291.8 | 3230.99 | 1950.26 | 100 | 15.48 | DQA1*0102 | DQA1*03XX1 | DQA1*010201 DQA1*030101 | | FALSE | Saved |
| 5 | 4 (D2) | | 4 | DQA1,DQB1 | | 3688.2 | 2435.19 | 2963.3 | 2203.51 | 100 | 14.49 | DQA1*01XX1 | DQA1*04XX2 | DQA1*010101 DQA1*040101 | | FALSE | Saved |
| 6 | 5 (E2) | | 5 | DQA1,DQB1 | | 2993.8 | 2448.42 | 3278.71 | 1877.01 | 100 | 11.54 | DQB1*03XX1 | DQB1*0501 | DQA1*010101 DQA1*0503 FP# 071 | | FALSE | Batch Imported |
| 7 | 6 (F2) | | 6 | DQA1,DQB1 | | 3194.2 | 2606.06 | 3218.02 | 1928.06 | 100 | 13.88 | DQA1*01XX1 | DQA1*05XX2 | DQA1*010101 DQA1*050101 | | FALSE | Saved |
| 8 | 7 (G2) | | 7 | DQA1,DQB1 | | 3290.39 | 2589.82 | 3543.2 | 1977.4 | 100 | 13.6 | DQB1*02XX1 | DQB1*0601 | DQA1*0103 DQA1*050101 FP# 071 | | FALSE | Batch Imported |
| 9 | 8 (H2) | | 8 | DQA1,DQB1 | | 3016.05 | 2652.65 | 3012.2 | 1957.62 | 100 | 13.41 | DQB1*03XX1 | DQB1*0602 | DQA1*010201 DQA1*0503 FP# 071 | | FALSE | Batch Imported |
| 10 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 11 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 12 | | | | | | | | | | | | | | | | | |
| 13 | | | | | | | | | | | | | | | | | |

- Clique no botão **Preview** Preview (Pré-visualizar) para rever um relatório da tabela de resumo antes e imprimir ou guardar.

**Ecrã de pré-visualização**

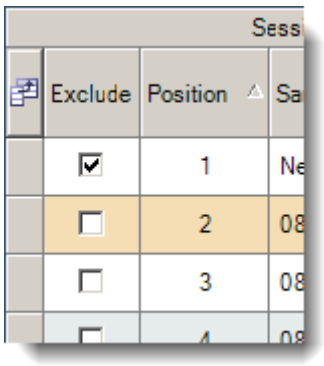
**Utilize a barra de deslocamento para mover de uma página para a outra**



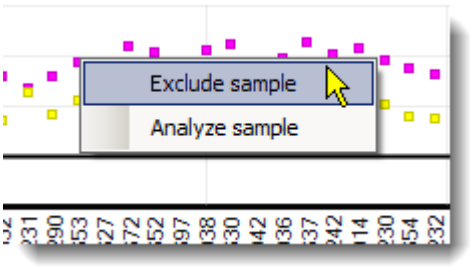
- Na janela Print Preview (Pré-visualizar), o lado esquerdo símbolos para cada página do relatório. Utilize a barra e deslocamento para se deslocar de uma página para outra ou clique num ícone de página para ir para essa página.

- Utilize a **Roda do rato** ou clique e desloque o rato para cima e para baixo para ampliar e reduzir cada página na janela Print Preview (Pré-visualizar).

### Excluir uma amostra da análise




Se pretende excluir uma amostra de uma sessão de análise, selecione a caixa de verificação **Exclude** (Excluir) junto a essa amostra.




Também poderá clicar com o botão direito do rato na amostra num dos gráficos no separador Control Value (Valor e controlo) e selecione **Exclude Sample** (Excluir amostra).

Isto significa que a amostra selecionada não é apresentada em relatórios do Fusion ou em Bead Analysis (Análise de esferas), dados de Control Value (Valor de controlo) ou como resultados na janela Analysis (Análise) de resultados.

- As filas de amostras falsas na tabela de resumo estão realçadas a **Cor de rosa**; filas de amostras com múltiplas correspondências estão realçadas a **Laranja**.

- Se pretender que o HLA Fusion procure toda a sessão para XX códigos e substitui-los pelos códigos NMDP mais atuais que importou, clique no botão **Replace XX Code** Replace XX Code (Substituir código XX). Recomenda-se a utilização desta função se o ficheiro NMDP atual foi importado recentemente.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Para amostras individuais, a função de substituição de código pode ser efetuada selecionando o botão **Reanalyze** Reanalyze (reanalisar) na janela de análise. |

# Configurar análise LABType para a amostra atual

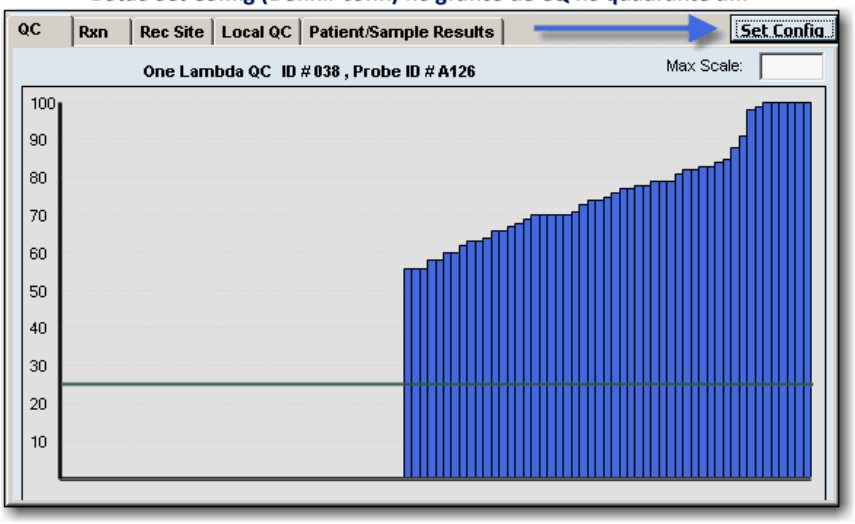
As configurações LABType globais predefinidas podem ser definidas no menu Utilities (Acessórios). Adicionalmente, as configurações também podem ser definidas a partir da janela de análise LABType para a amostra atual.

## Alterar a configuração para a amostra atual

Antes de iniciar aanálise, poderá alterar as opções de análise para a amostra atual utilizando o menu de configuração conforme ilustrado abaixo. As alterações às definições de configuração *durante a análise* afetam *apenas a amostra atual.*

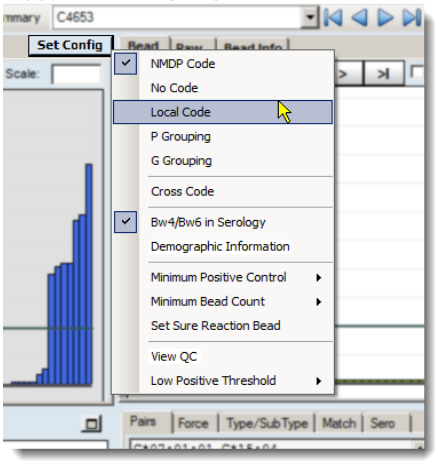
Para alterar as definições de configuração para a amostra atual, clique no botão **Set Config** (Definir conf.) no topo do quadrante 1 da janela de análise.

Botão Set Config (Definir conf.) no gráfico de CQ no quadrante um



## Atribuir código

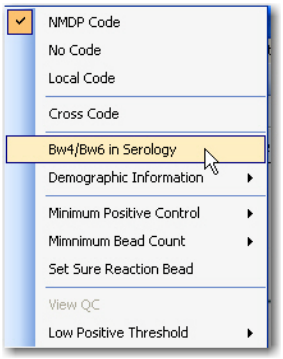
Opções de configuração da amostra atual




Por defeito, o Fusion atribui códigos NMDP aos alelos. No entanto, pode alterar estes códigos para uma das seguintes opções:

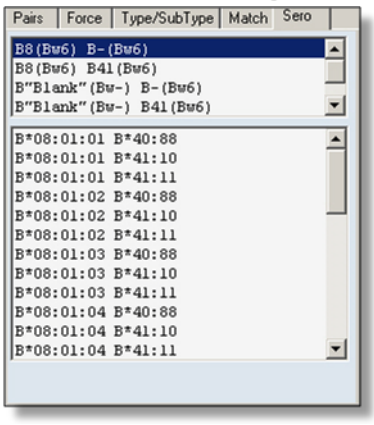
- **No Code** (Sem código) - Os pares de alelos resultantes, combinados numa cadeia sem código formatado, são simplesmente condensados sem aplicar um formato codificado.
- **Local Code** (Código local) - Atribui definições de códigos definidas pelo utilizador (código utilizado pelo seu laboratório) para os resultados de códigos sugeridos.
- **P Grouping** (Agrupamento P) - Codifica as cadeias de alelos no agrupamento P conforme publicado pela IMGT.
- **G Grouping** (Agrupamento G) - Codifica as cadeias de alelos no agrupamento G conforme publicado pela IMGT.
- **Cross Code** (Código transversal) - Permite combinações de alelos transversais aos grupos serológicos (por exemplo, **`EAPW = DRB1*04:03:01DRB1*04:03:03`**). Por defeito, a codificação transversal está desativada, pelo que os pares de alelos são condensados apenas dentro dos mesmos grupos de alelos.

## Bw4/Bw6 em serologia




A serologia identificou vários pares de alelos HLA-B que parecem diferir apenas na região Bw4/Bw6—os dois epítopos serológicos mutuamente exclusivos. Se selecionar esta opção, Bw4/Bw6 é adicionado aos resultados de serologia.

Bw4/Bw6 em serologia

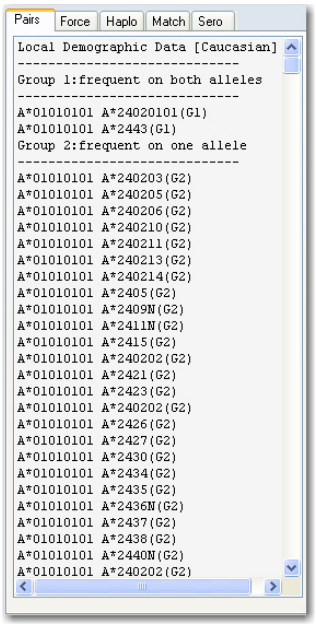


## Dados demográficos

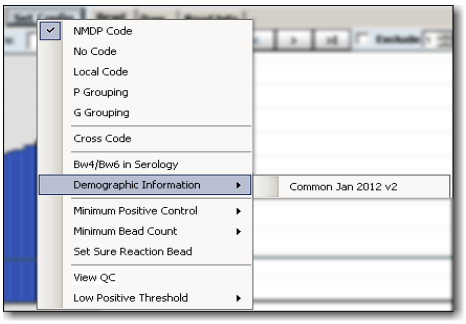
A opção Demographic Information (Dados demográficos) permite organizar os alelos com base na sua frequência. Com base na seleção demográfica efetuada, o HLA Fusion apresenta um máximo de três grupos na lista de pares de alelos:

- **Grupo 1:** Frequente em ambos os alelos
- **Grupo 2:** Frequente apenas num ou no outro alelo
- **Grupo 3:** Frequente em nenhum dos alelos

**Frequência demográfica**



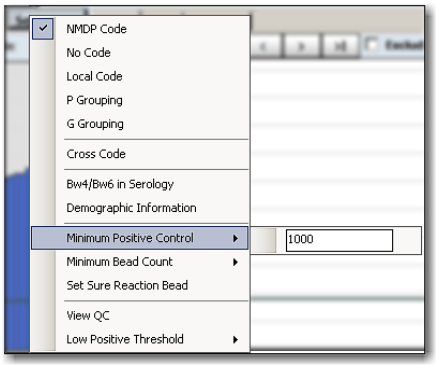

**Opção de configuração demográfica**




**Nota:** Se a opção Demographic Information (Dados demográficos) não estiver ativa (isto é, a cinzento), é necessário importar um ficheiro de introdução da frequência dos alelos. Na barra de menu do Fusion, selecione **Utilities**>**Update Reference**>**Allele Frequency** (Acessórios>Atualizar referência>Frequência de alelos). Clique no botão para procurar e localizar os ficheiros de Frequência de alelos. Clique em **Import Allele Frequency (Importar frequência de alelos).**

## Controlo positivo mínimo

**Definir o controlo positivo mínimo**

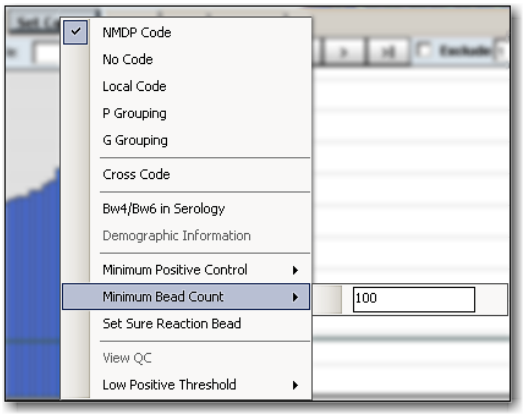



O valor de Minimum Positive Control (Controlo positivo mínimo) predefinido atribuído pelo sistema é 1000. Se pretendido, introduza um novo valor no campo do valor de controlo positivo mínimo e prima a tecla **Enter** Enter no seu teclado.

A amostra é assinalada nos Comentários do sistema como tendo um Controlo positivo baixo se alguma média aparada de controlo positivo na amostra atual se enquadrar no limiar que definiu. No separador de análise de esferas, as barras de esferas para amostras inferiores ao limiar que definiu estão coloridas a **CINZENTO**.

## Contagem mínima de esferas

**Definir a contagem mínima de esferas**



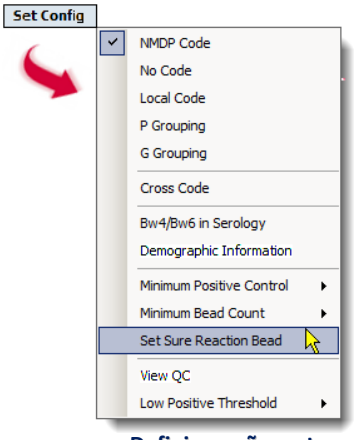

O valor predefinido de Minimum Bead Count (Contagem mínima de esferas) atribuído pelo sistema é 100. Se pretendido, introduza um novo valor no campo de valor de **Minimum Bead Count** (Contagem mínima de esferas). A amostra é assinalada nos comentários como tendo uma contagem de esferas baixa se alguma contagem de esferas baixa na amostra atual cair abaixo do limiar que definiu.

## Definir amostra de reação certa

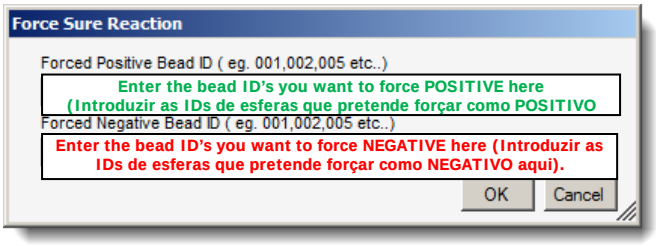
1. Clique no botão **Set Config** (Definir conf.) (superior direita) e selecione a opção **Set Sure Reaction Bead** (Definir amostra de reação certa) no menu de configuração para introduzir IDs de esferas onde forçar valores positivos e negativos.

   É apresentada a caixa de diálogo **Force Sure Reaction** (Forçar reação certa).

2. Aqui, poderá introduzir IDs de esferas onde pretende forçar positivos (os falsos positivos são considerados positivos verdadeiros) ou negativos (os falsos negativos são considerados falsos negativos).

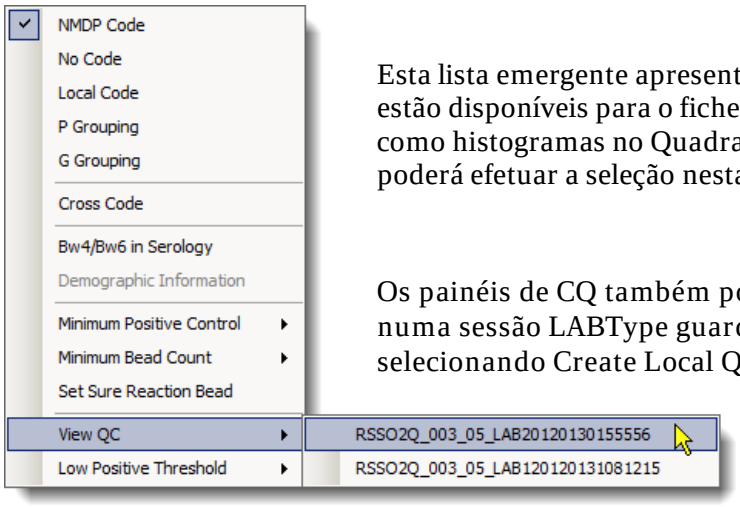



**Definir reação certa**


Force Sure Reaction
Forced Positive Bead ID ( eg. 001,002,005 etc..)
Enter the bead ID's you want to force POSITIVE here
(Introduzir as IDs de esferas que pretende forçar como POSITIVO
Forced Negative Bead ID ( eg. 001,002,005 etc..)
Enter the bead ID's you want to force NEGATIVE here (Introduzir as IDs de esferas que pretende forçar como NEGATIVO aqui).
OK
Cancel

**Forçar reação certa**

## Ver CQ



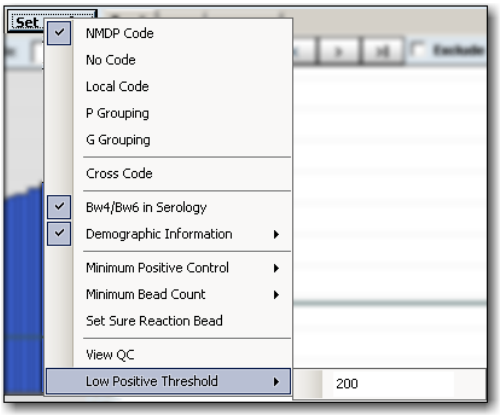

**Configurar painéis de CP alternativos**

Esta lista emergente apresenta os painéis de CQ alternativos (que criou) que estão disponíveis para o ficheiro de catálogos atual que podem ser apresentados como histogramas no Quadrante 1da janela Analysis (Análise). Depois de clicar, poderá efetuar a seleção nesta lista em vez de utilizar o CQ OLI.

Os painéis de CQ também podem ser criado clicando com o botão direito numa sessão LABType guardada na árvore do Navigator (Navegador) e selecionando Create Local QC (Criar CQ local).

## Definição de limiar positivo baixo

**Definir limiar positivo baixo**




O valor de Low Positive Threshold (Limiar positivo baixo) predefinido atribuído pelo HLA Fusion é 200.

Se pretendido, clique no botão **Set Config** Set Config (Definir config.) e introduza um novo valor no campo **Low Positive Threshold** (Limiar positivo baixo) na parte inferior do menu emergente.

As amostras inferiores a este valor surgem no gráfico sob a forma de barras verticais a **CINZENTO**, no Quadrante superior direito (2) do ecrã Bead Analysis (Análise de esferas).

# Utilizar a janela de análise de dados LABType

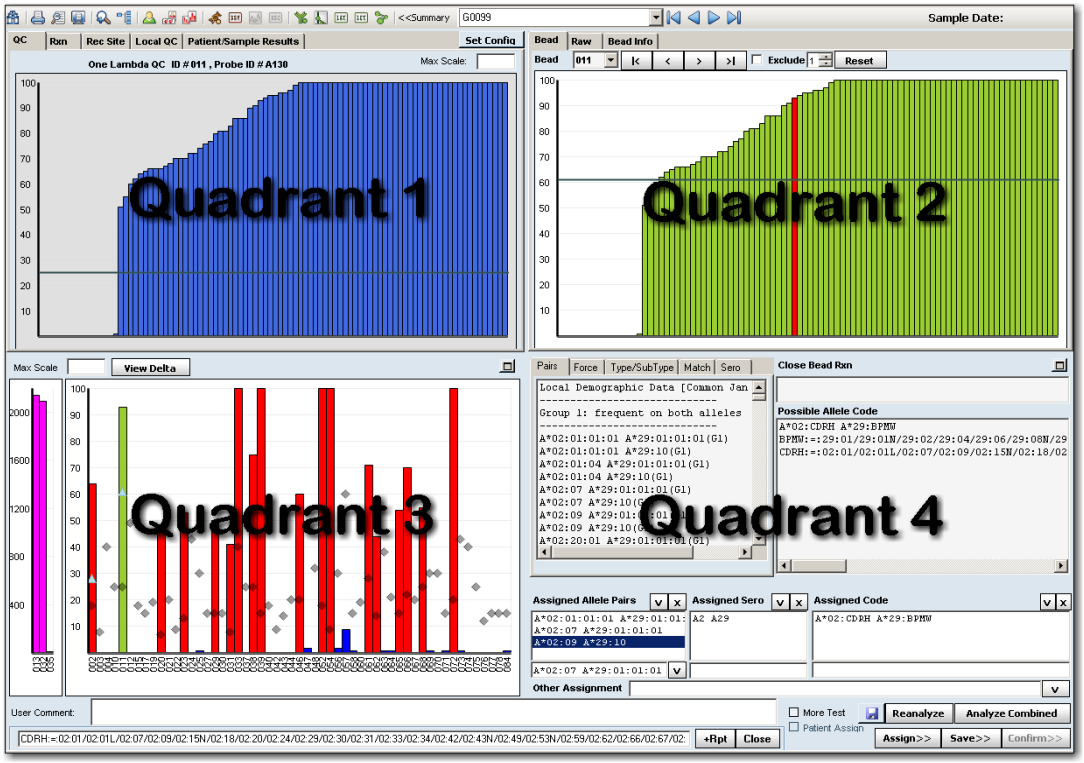
A janela de análise de dados LABType fornece dados de análise detalhados para cada amostra na sessão. Pode rever as atribuições de alelos sugeridas pelo programa e modificar e aceitar as atribuições de tipologia. O HLA Fusion sugere resultados de tipologia possíveis, mas a atribuição final deve ser efetuada por si ou pelo seu supervisor.

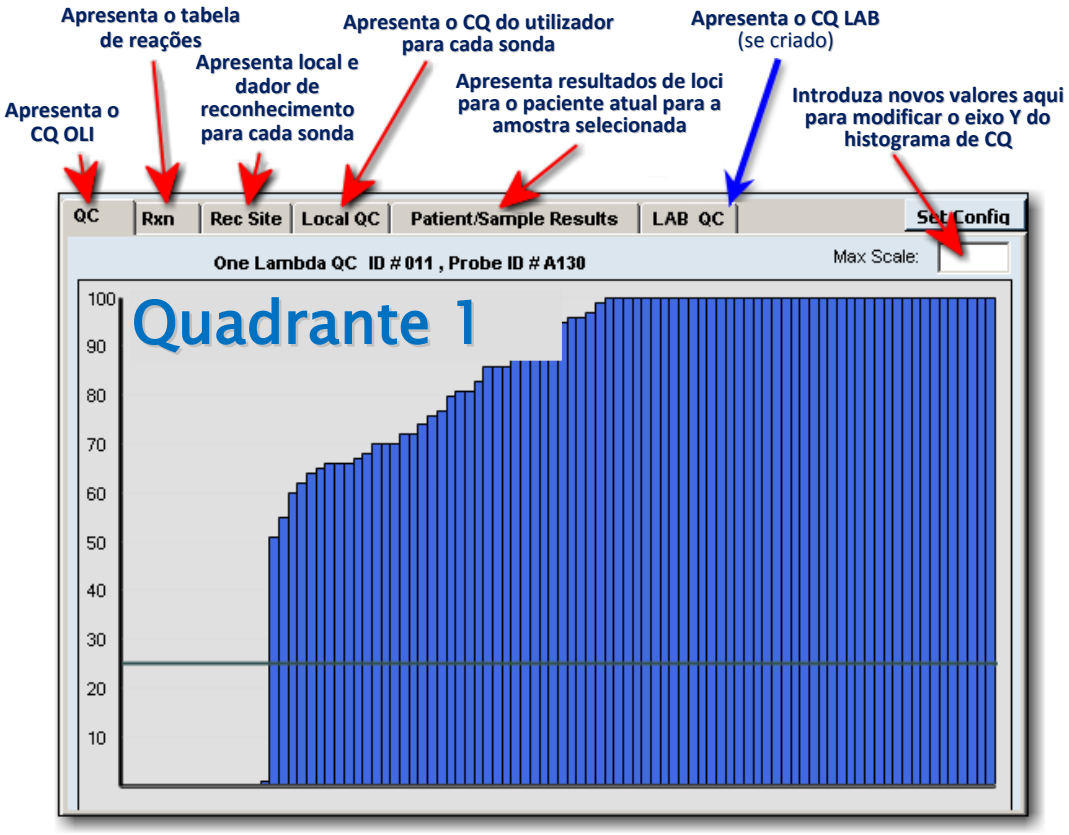
Na janela de análise LABType poderá efetuar o seguinte:

- Alternar entre formatos de código
- Aplicar Bw4/Bw6 a resultados serológicos
- Aplicar filtros de frequência
- Mostrar o delta entre o sinal gerado e o ponto de interrupção para cada esfera
- Apresentar dados de reação, local de reconhecimento, dados em bruto e de esferas
- Navegar entre esferas
- Excluir uma esfera da análise
- Ajustar valores de interrupção
- Atribuir pares de alelos não codificados
- Atribuir um par de alelos codificado
- Atribuir equivalentes a serologia
- Realizar atribuições manuais
- Remover atribuições
- Guardar e confirmar os seus resultados de análise

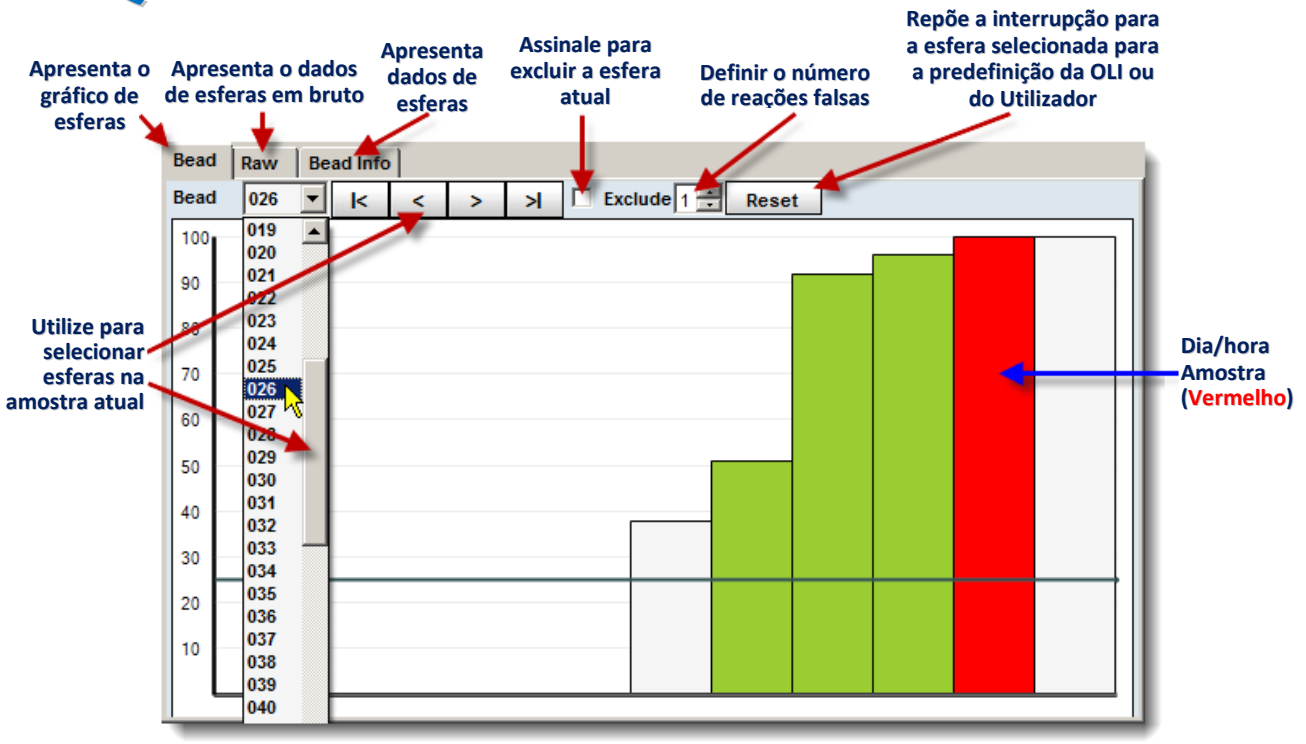
A janela de análise LABType está dividida em quatro secções principais, ou Quadrantes, fornecendo cada um deles dados específicos para análise.

**A janela de análise LABType**

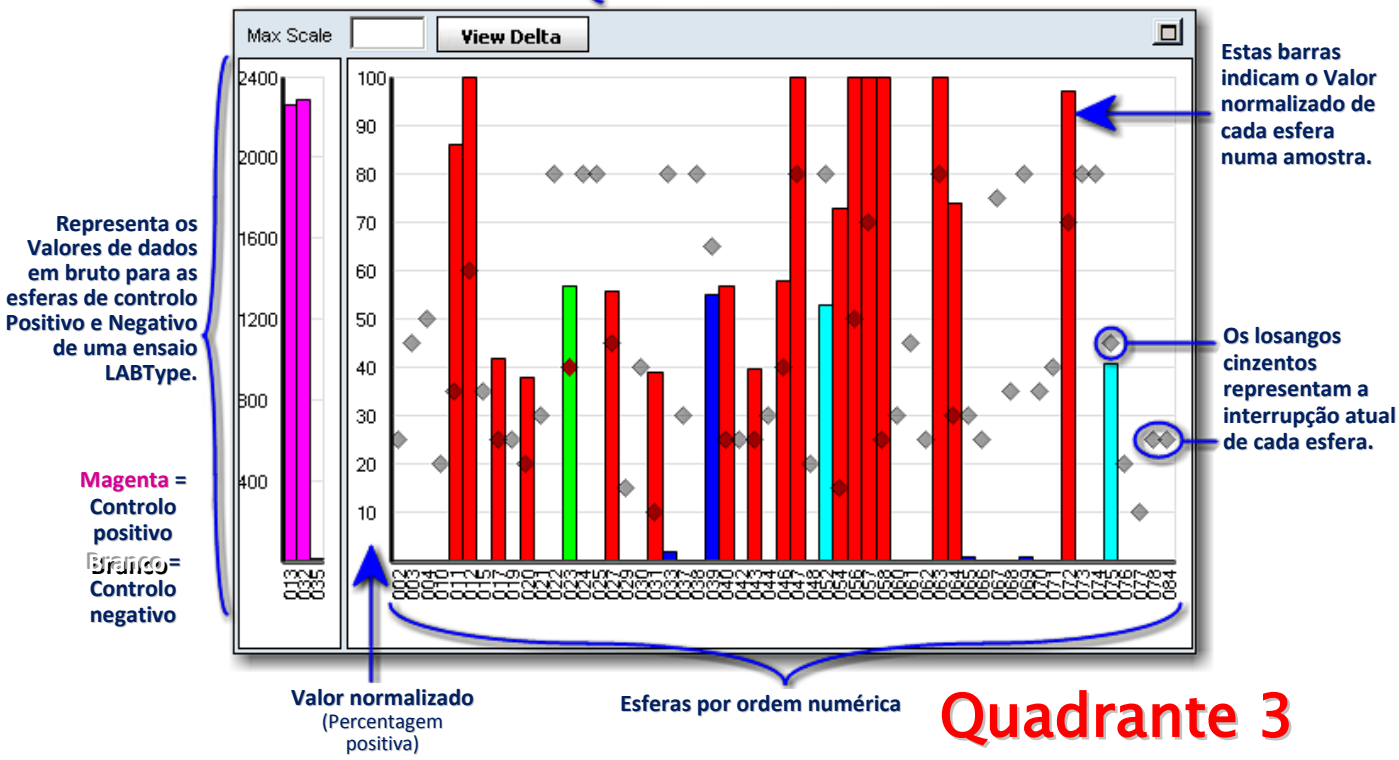




Apresenta o tabela de reações
Apresenta o CQ do utilizador para cada sonda
Apresenta o CQ LAB (se criado)
Apresenta local e dador de reconhecimento para cada sonda
Apresenta resultados de loci para o paciente atual para a amostra selecionada
Apresenta o CQ OLI
Introduza novos valores aqui para modificar o eixo Y do histograma de CQ
QC
Rxn
Rec Site
Local QC
Patient/Sample Results
LAB QC
Set Config
One Lambda QC ID # 011 , Probe ID # A130
Max Scale:
Quadrante 1

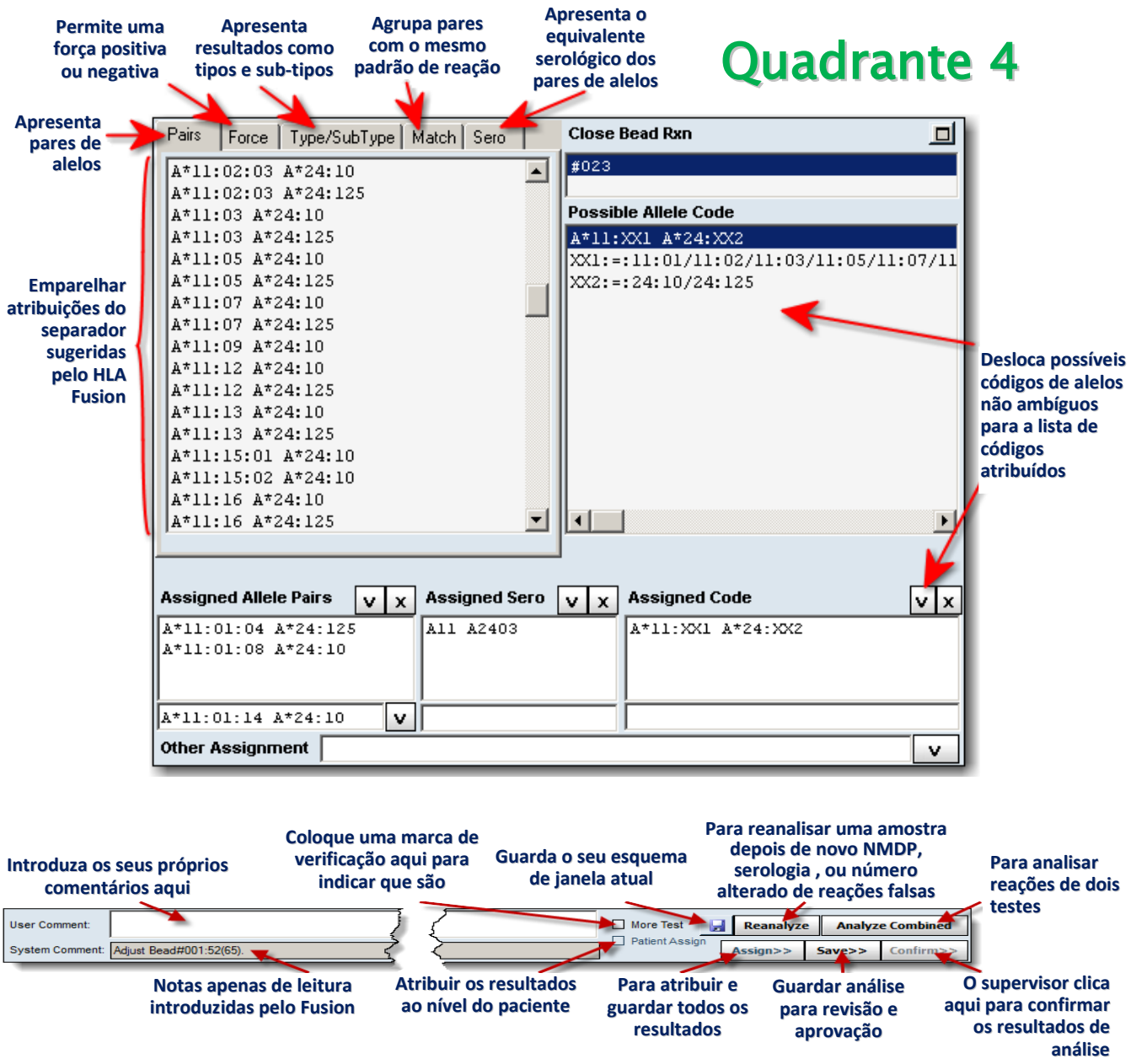
# Quadrante 2


Apresenta o gráfico de esferas
Apresenta o dados de esferas em bruto
Apresenta dados de esferas
Assinale para excluir a esfera atual
Definir o número de reações falsas
Repõe a interrupção para a esfera selecionada para a predefinição da OLI ou do Utilizador
Bead
Raw
Bead Info
Exclude
Reset
Utilize para selecionar esferas na amostra atual
Dia/hora Amostra (Vermelho)

**CORES DAS BARRAS**
- Reação positiva: Vermelho
- Reação negativa: AZUL
- Esfera atual: Verde


Max Scale
View Delta
Representa os Valores de dados em bruto para as esferas de controlo Positivo e Negativo de uma ensaio LABType.
Magenta = Controlo positivo
Branco = Controlo negativo
Estas barras indicam o Valor normalizado de cada esfera numa amostra.
Os losangos cinzentos representam a interrupção atual de cada esfera.
Valor normalizado (Percentagem positiva)
Esferas por ordem numérica

# Quadrante 3




Cada quadrante da janela Analysis (Análise) representa uma vista diferente da mesma amostra. Os quadrantes estão ligados uns aos outros: uma alteração que efetue no Quadrante 2 (interrupção, por exemplo) afeta a apresentação nos Quadrantes 1, 3 e 4. Cada quadrante pode ser redimensionado vertical e horizontalmente:

- Passe o cursor entre os quadrantes até a imagem do cursor alterar para ↕. Clique e arraste o gráfico para o redimensionar.
- Ou clique no botão **Maximizar** ☐ do quadrante para modificar a apresentação do quadrante.

## Atalhos do teclado para navegação de análise LABType

A tabela seguinte define algumas combinações do teclado do computador que poderá utilizar para navegar rapidamente por uma amostra LABType durante a análise.

| Combinação do teclado | Para fazer isto... |
|---|---|
| Alt + N | **Navegar para a esfera seguinte** (dos ecrãs de análise de esferas e de análise de amostras) |
| Alt + P | **Navegar para a esfera anterior** (dos ecrãs de análise de esferas e de análise de amostras) |
| Alt + A | **Atribuir e ir para a amostra seguinte** (do ecrã de análise de amostras) |

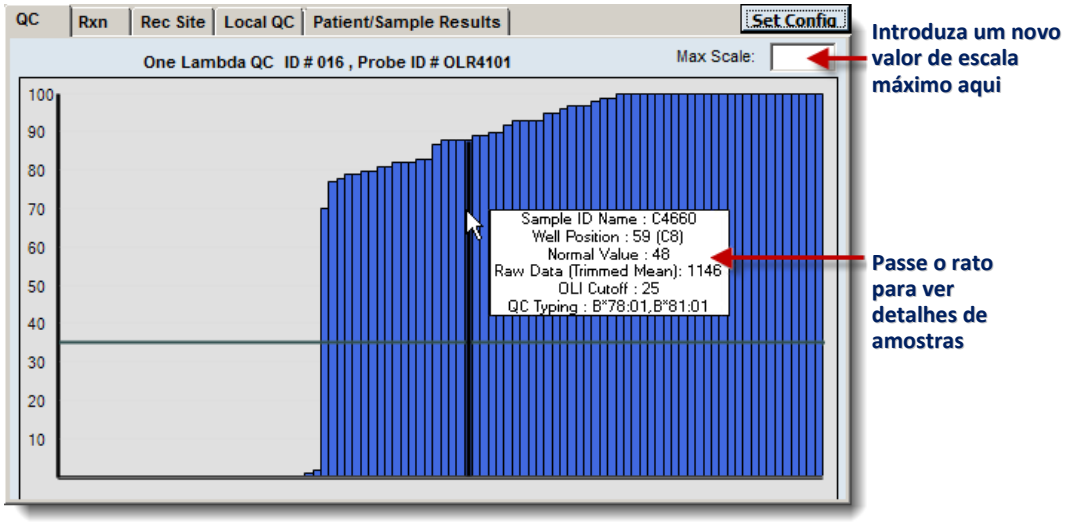
## **Quadrante 1** (histograma de CQ)

Existem vários separadores neste quadrante, conforme explicado nas secções seguintes.

### Separador de CQ

O separador **QC** (CQ) apresenta um histograma de perfil de reação para a esfera atual relativamente a todas as amostras do painel de CQ utilizadas na análise.

Cada barra representa uma amostra de CQ e a sua altura representa o valor de reação normalizado.



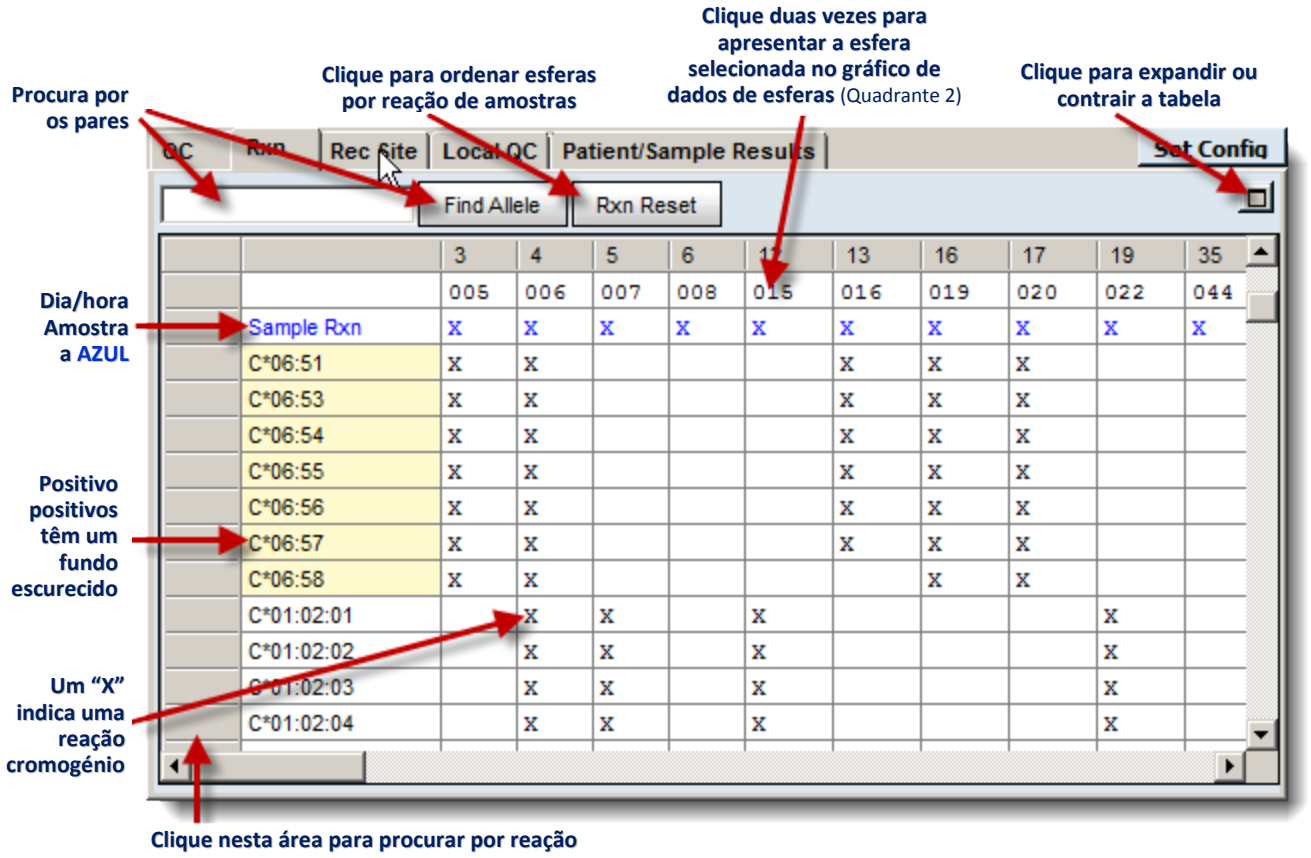
- Passe com o cursor sobre qualquer amostra e os detalhes de amostra são apresentados, incluindo resultados de tipologia (ver gráfico).
- Para alterar a escala do histograma, clique dentro da caixa **Max Scale** (Escala máxima), introduza novos limites e prima a tecla **Enter** .

  A função Max Scale (Escala máxima) define o intervalo máximo do eixo Y. Ao atualizar um novo valor de Escala máxima, os histogramas de dados de CQ e de esferas atualizam automaticamente para apresentar o intervalo entre zero e o novo valor máximo.
- A linha de recuperação representa o valor de recuperação predefinido One Lambda.

### **Separador Rxn** (Reação)

O separador **Reaction Pattern** (Padrão de reação) apresenta as reações positivas de cada esfera (eixo X) relativamente a todos os alelos (eixo Y) definidos no ficheiro de catálogo.

Na janela de análise LABType no Quadrante 1, clique no separador **Rxn** para apresentar a **Tabela de padrão de reação**.

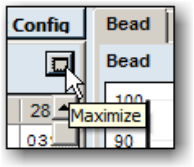

Procura por os pares
Clique para ordenar esferas por reação de amostras
Clique duas vezes para apresentar a esfera selecionada no gráfico de dados de esferas (Quadrante 2)
Clique para expandir ou contrair a tabela
QC
Rxn
Rec Site
Local QC
Patient/Sample Results
Set Config
Find Allele
Rxn Reset
Dia/hora Amostra a AZUL
Positivo positivos têm um fundo escurecido
Um "X" indica uma reação cromogénio
Clique nesta área para procurar por reação

| | 3 | 4 | 5 | 6 | 12 | 13 | 16 | 17 | 19 | 35 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | 005 | 006 | 007 | 008 | 015 | 016 | 019 | 020 | 022 | 044 |
| Sample Rxn | X | X | X | X | X | X | X | X | X | X |
| C*06:51 | X | X | | | | X | X | X | | |
| C*06:53 | X | X | | | | X | X | X | | |
| C*06:54 | X | X | | | | X | X | X | | |
| C*06:55 | X | X | | | | X | X | X | | |
| C*06:56 | X | X | | | | X | X | X | | |
| C*06:57 | X | X | | | | X | X | X | | |
| C*06:58 | X | X | | | | | X | X | | |
| C*01:02:01 | | X | X | | X | | | | X | |
| C*01:02:02 | | X | X | | X | | | | X | |
| C*01:02:03 | | X | X | | X | | | | X | |
| C*01:02:04 | | X | X | | X | | | | X | |

A configuração predefinida:

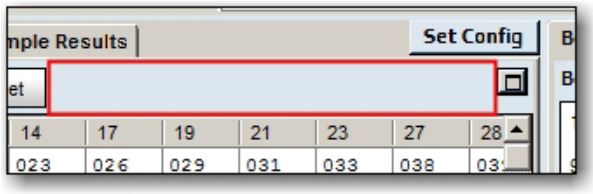
- As esferas são ordenadas por reação de amostra.
- A amostra atual surge na linha superior da tabela em tipo de letra **azul**.
- Os alelos positivos são indicados por baixo da fila de amostras e têm um fundo escurecido.
- A cor **salmão** indica um falso positivo.
- A cor **verde** indica um falso negativo.

As reações positivas são apresentadas como um "**X**" na tabela (**Azul** para a amostra atual e **Preto** para as restantes). PC, NC e as esferas excluídas são apresentados como zero, "**0**" na tabela.



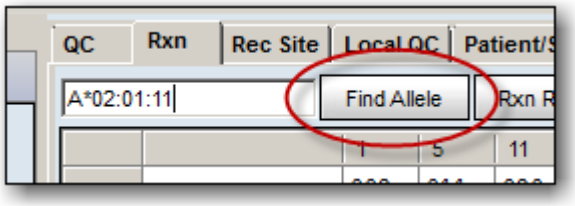

Se pretender expandir a tabela para o seu tamanho total, clique no botão **Maximizar**. Para minimizar a vista, clique novamente no botão.

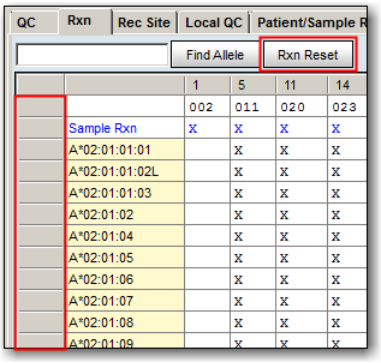
**OU...**




Clique duas vezes em qualquer parte da área imediatamente acima da tabela, entre os botões **Rxn Reset** (Repor reação) e **Max** (Máx.) para expandir a tabela. Para repor o tamanho da tabela para o seu tamanho de quadrante original, clique novamente duas vezes na mesma área.

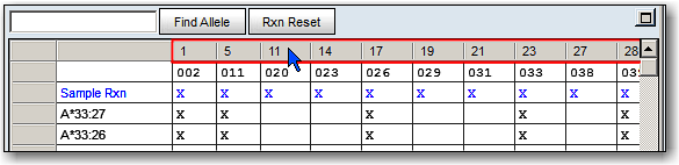
Introduza um alelo no campo e clique no botão **Find Allele** (Encontrar alelo) para apresentar o alelo e o respetivo padrão de reação na primeira linha. Clique duas vezes no nome de um alelo para o colocar no cimo da tabela. Pode colocar a totalidade de um determinado grupo de alelos no cimo introduzindo um grupo de alelos (por exemplo, DRB1*03).

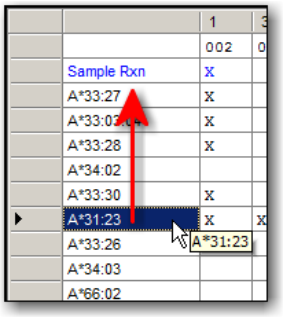



Clique no cabeçalho da linha cinzenta em branco à esquerda do nome do alelo ou da reação da amostra para mover todas as esferas com essa reação para a *esquerda*. Clique no botão **Rxn Reset** (Repor reação) para repor a configuração original da tabela.

Ao clicar num cabeçalho de coluna, a tabela é ordenada pelos critérios de reação dessa esfera. O *primeiro clique* ordena por **ordem ascendente**, de cima para baixo. O segundo clique ordena por ordem descendente.




Clique duas vezes na coluna de alelos para trazer o alelo selecionado *para cima* para a parte superior da tabela de padrão de reação, mesmo por baixo da amostra.

Se utilizar o botão **Analyze Combined**

(Análise combinada) para analisar duas ou mais análises para a mesma amostra, as IDs de esferas em análises adicionais são diferenciadas da atual na tabela de reação por um underscore e um número de sequência.

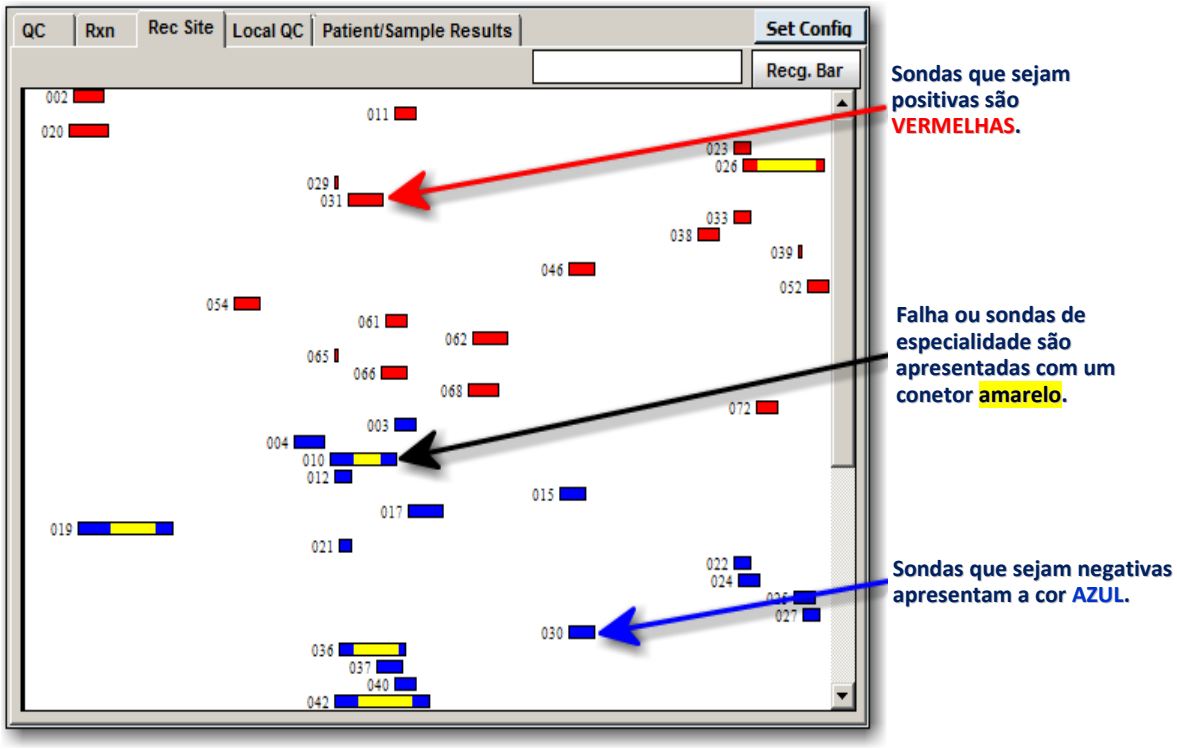
Por exemplo, se a amostra atual incluir uma esfera com ID de esfera 002 e a tiver analisado juntamente com uma análise adicional para a amostra, essa mesma esfera para a segunda análise de amostra é indicada como 002_0 na tabela de reação. O número a seguir ao underscore aumenta as amostras adicionais que possa adicionar à análise combinada (_1 para um terceiro teste de amostra, etc.).

### Separador Rec Site (Local de reconhecimento)

Este gráfico mapeia os locais de reconhecimento de todas as sondas na amostra e realça essas sondas que escolhem quaisquer dois alelos selecionados pelo utilizador para comparação.

- **Eixo X:** local de ligação de sonda na referência para os exões amplificados no kit de teste utilizado (começando com exão 2' na esquerda e avançando para exão 4 ou superior na direita, se aplicável à amostra).
- **Eixo Y:** esfera

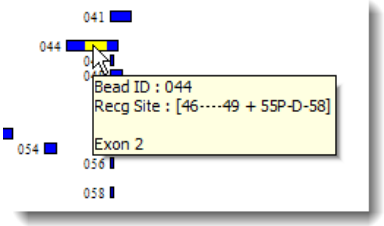
Na janela de análise do LABType no **Quadrante 1**, clique no separador **Rec Site** (Local de reconhecimento).




- As sondas que forem positivas para os alelos selecionados apresentam a cor **Vermelha** e são apresentadas na parte superior do diagrama. As negativas apresentam a cor **Azul** e são apresentadas por baixo das positivas.

- As sondas são identificadas por uma barra horizontal na localização do local de reconhecimento. A posição da sonda é identificada junto à barra.

- Ao clicar numa sonda, o gráfico de esfera no Quadrante 2 atualiza e uma caixa de dados emergente apresenta os campos seguintes:

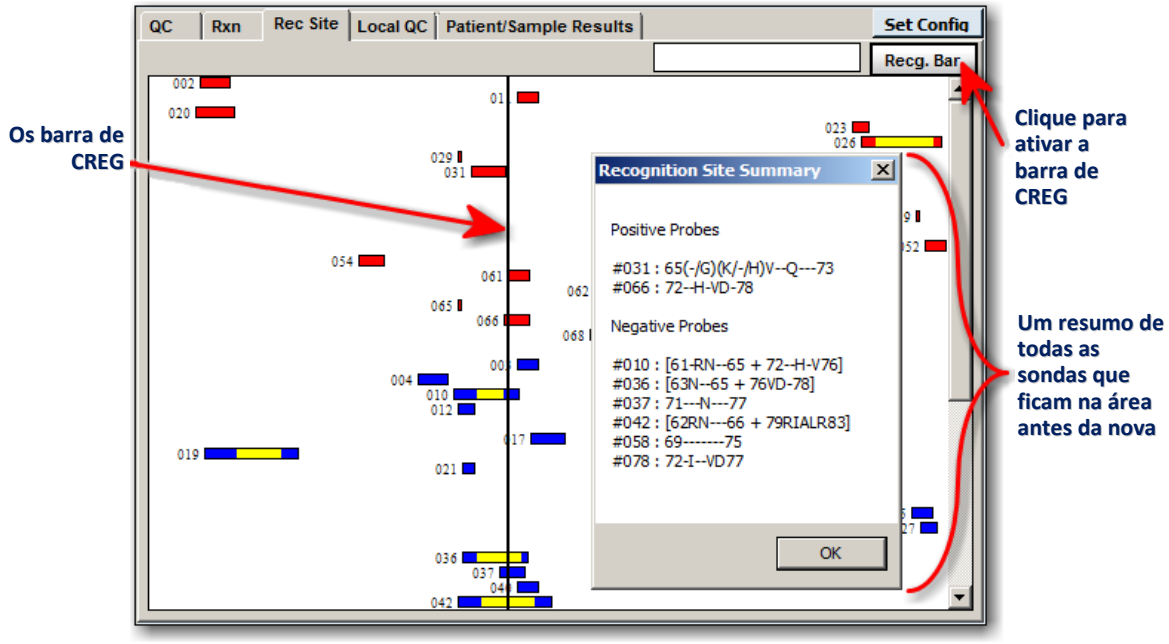



1. ID de esfera
2. Local de reconhecimento
3. Número de exão

- **Gap** (Falha) ou *sondas de especialidade* são indicadas por um conetor **amarelo** que junta dois locais de reconhecimento. Os dados do local de reconhecimento que são apresentados quando clica numa sonda de especialidade é para ambas as sondas ligadas.

## Barra de reconhecimento

Ative a **Barra de reconhecimento** clicando no botão **Recg. Bar** Recg. Bar (Barra de reconhecimento). Inicialmente, a barra surgirá no lado esquerdo do gráfico. Arraste a barra para a direita com o ponteiro do rato. Quando libertar a barra, o sistema irá apresentar o **Resumo do local de reconhecimento** (sondas positivas, negativas e excluídas) para onde quer que esta barra seja posicionada na janela.

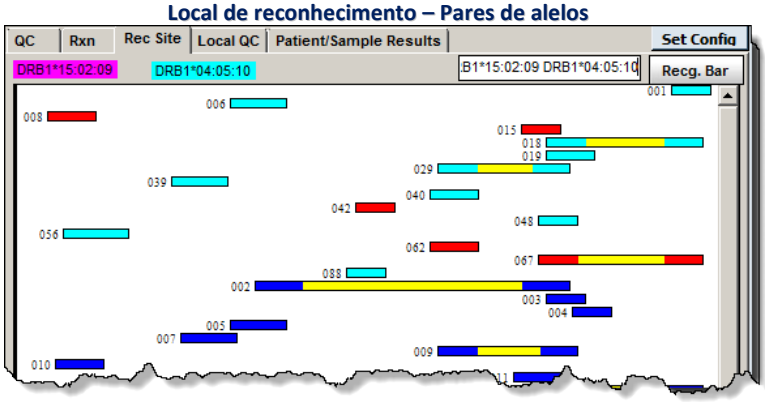



Resumo do local de reconhecimento da sonda

Clique no botão **OK** OK para ignorar o Resumo do local de reconhecimento.

- Poderá introduzir até dois alelos, separados por um espaço, no **Campo de texto de alelos** C*01:02:01 C*03:38:02 e prima na tecla **Enter** Enter no teclado.
- Ou poderá pesquisar alelos clicando duas vezes o par de alelos na lista de resultados de **Possíveis pares de alelos** (no Quadrante 4).

Local de reconhecimento – Pares de alelos

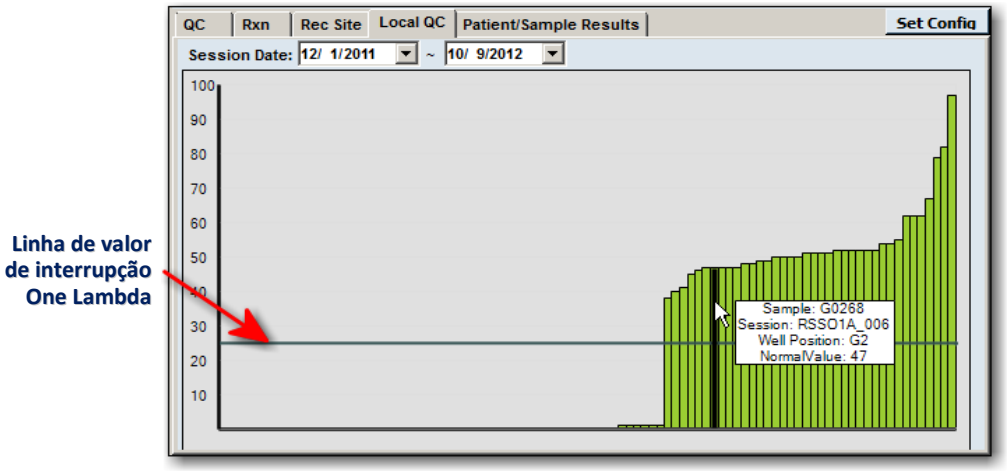


Todas as sondas que são reativas ao(s) alelo(s) selecionado(s) apresentam cor:

- Alelo 1: **Magenta**
- Alelo 2: **Ciano**

### Separador de CQ local

O separador **Local QC** (CQ local) apresenta um histograma do perfil de reação para a esfera atual relativamente a todas as amostras que este utilizador alguma vez tenha executado para o mesmo produto (mesmo lote/revisão) e ao longo de um intervalo de datas especificado.

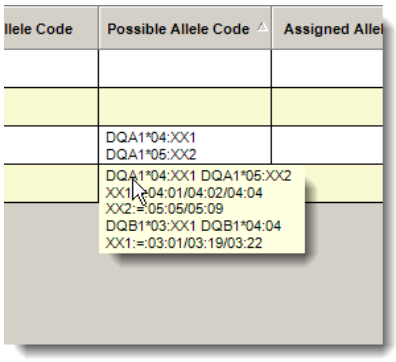



Separador de CQ local

Cada barra **Verde** representa uma amostra de CQ e a sua altura representa o valor de reação normalizado. Isto irá servir como gráfico de CQ criado pelo utilizador.

- Passe com o cursor sobre qualquer amostra e os detalhes de amostra são apresentados.
- O gráfico é continuamente atualizado à medida que analisa o produto ao longo do tempo.
- A linha de recuperação representa o valor de recuperação predefinido One Lambda.

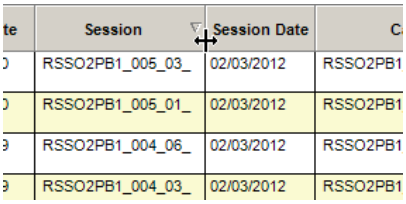
### Separador de resultados de pacientes/amostras



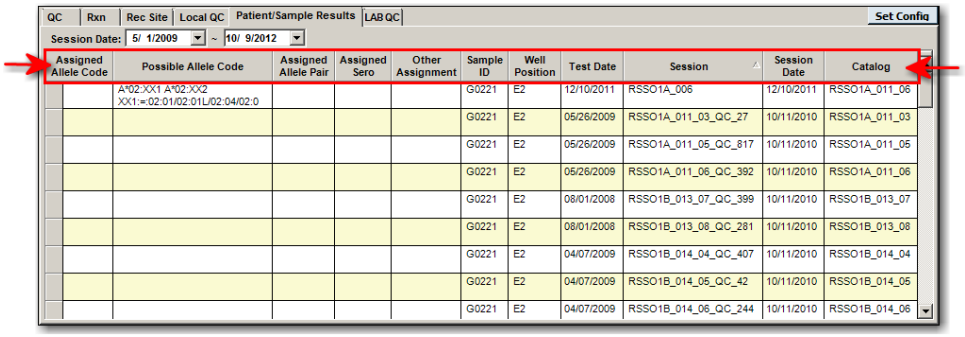

O separador **Patient/Sample Results** (Resultados de pacientes/amostras) detalha todos os resultados para todos os testes efetuados numa ID de amostra ou ID de paciente. Como são guardados resultados para cada locus, ou o resultado de serologia ou o código de alelo para cada locus surge nesta secção de todos os locus.

Clique em qualquer um dos separadores **Cinzentos** identificados ao longo da parte superior da grelha para ordenar os resultados por ordem ascendente ou descendente. A direção dos triângulos pequenos ▲indica como os resultados foram ordenados.

Passe o rato sobre qualquer **Possible Allele Code** (Código de alelo possível) para ver todo o código de alelos.




Poderá utilizar o seu rato para alargar a grelha ou clique duas vezes *entre* os separadores para aumentar automaticamente a largura da coluna para acomodar todos os dados apresentados.




**Separador de resultados de pacientes/amostras**

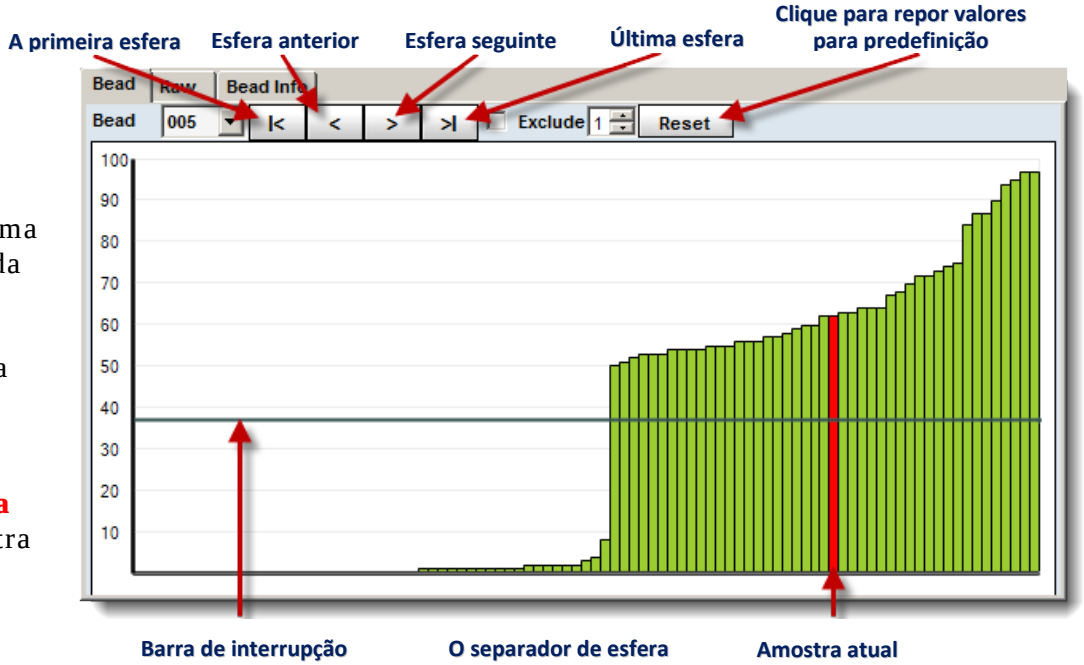
## **Quadrante 2** (dados de esferas)

Existem três separadores neste quadrante que são explicados nas secções seguintes.

### Separador de esfera

O separador **Bead** (Esfera) apresenta o histograma para a esfera atualmente selecionada. Cada barra representa uma amostra. A altura da barra representa o valor de reação normalizado para a esfera selecionada nessa amostra.

A barra **Vermelha** representa a amostra atualmente selecionada.



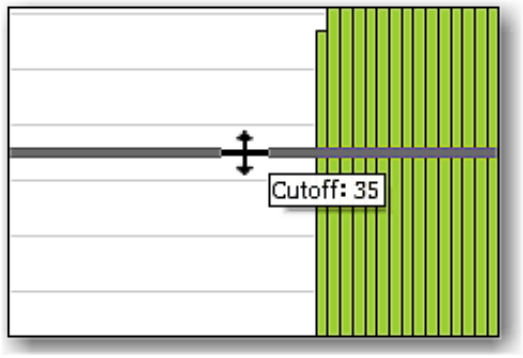
Clique duas vezes numa barra para navegar para a análise dessa amostra selecionada.

Poderá clicar nos botões de seta para selecionar uma barra de esfera e apresentar a esfera selecionada no **Quadrante 2**.

Alternativamente, poderá selecionar também a esfera no **Navegador de esferas na parte de cima**.

- **Eixo X:** Amostras ordenadas por ordem de reatividade (da mais fraca para a mais forte).
- **Eixo Y:** Valor normalizado, (% positiva).
- **Pontos de dados:** As barras representam o valor normalizado de uma amostra para a esfera atual.
- **As cores das barras:** Todas as barras são **verdes**, exceto a da *amostra atual*, que é **vermelha**.
- Uma barra branca indica amostras com um controlo positivo (PC) baixo.
- **Linha de valor de interrupção:** A linha de valor de interrupção encontra-se no valor de interrupção da esfera atual (valores acima desta linha são considerados positivos).
- A linha de valor de interrupção neste histograma pode ser modificada. Para ajustar os valores de interrupção de amostra, proceda da seguinte forma:

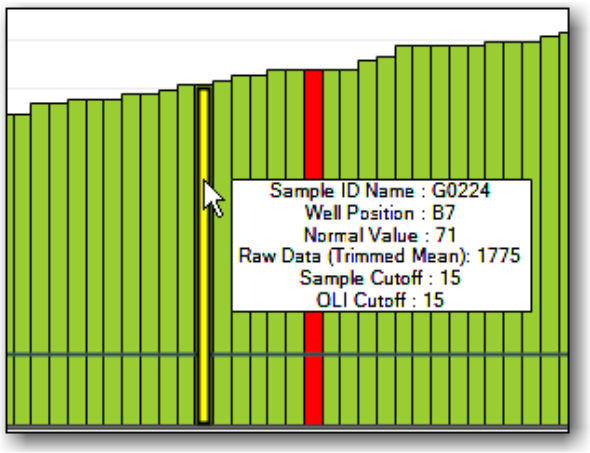
1. Clique e mantenha premida a barra de interrupção horizontal e arraste-a para cima ou para baixo para uma nova definição de interrupção. O valor de interrupção é apresentado junto ao cursor e muda à medida que arrasta a barra para cima ou para baixo.




Ajustar a barra de interrupção

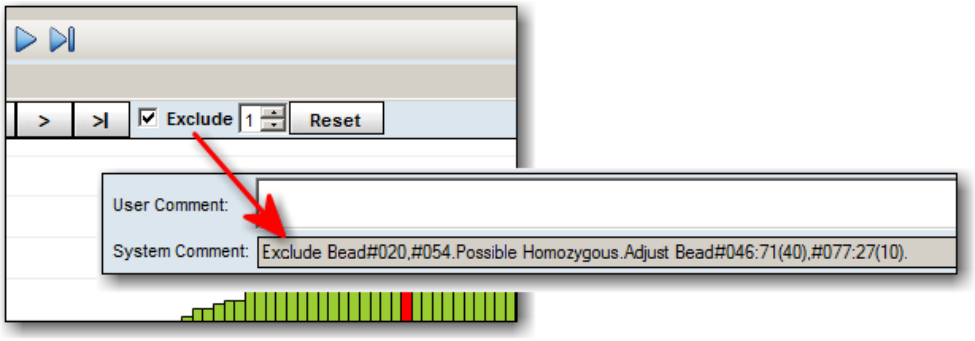
2. Para repor os valores predefinidos de interrupção, clique no botão **Reset** Reset (Repor) e escolha uma opção predefinida.

- Quando clica duas vezes numa barra de amostra, o módulo de análise apresenta os resultados para a amostra selecionada.
- Passe com o cursor sobre qualquer amostra e a barra fica amarela e os detalhes de amostra são apresentados.




**Detalhe de amostra**

- Se pretender excluir uma esfera da análise, assinale a caixa **Exclude** (Excluir). Quando assinalada, a *esfera atual* é excluída da análise da amostra atual. Os resultados de análise são atualizados para refletir a alteração e é adicionada uma anotação ao campo **System Comment** (Comentário do sistema): *Exclude Bead #[bead id]* (Excluir esfera n.º [ID de esfera]).




**Esfera excluída nos comentários do sistema**

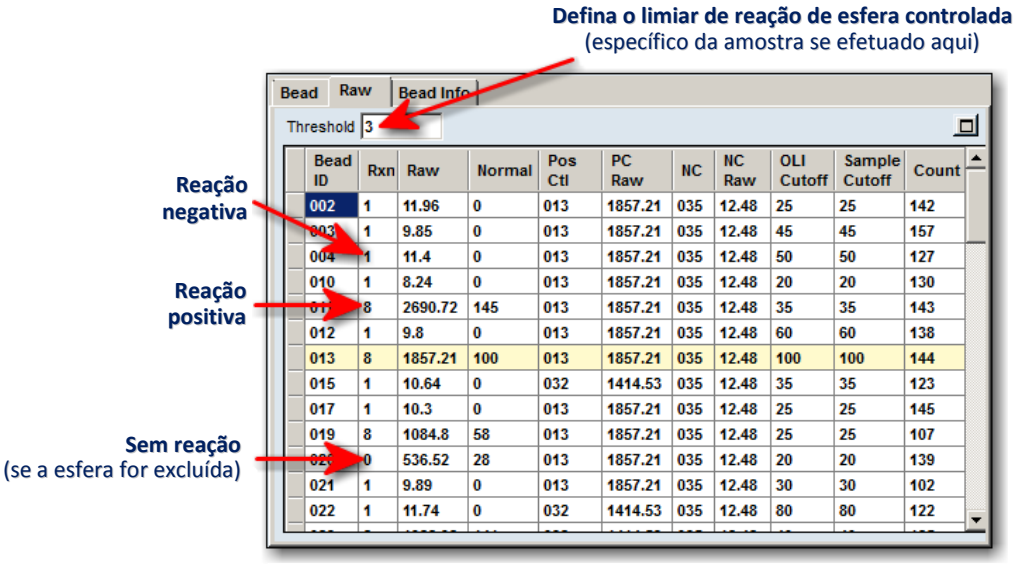
- Se o HLA Fusion não conseguir determinar quaisquer resultados que correspondam exatamente ao padrão de reação introduzido, analisa a reação pressupondo que existe uma reação falsa na amostra. Se continuar a não ser possível encontrar uma solução, o sistema continua a procurar nas reações falsas adicionais até atingir o número de reações falsas permitidas ou encontrar uma solução.

A definição de reação falsa deve ser entre a definição mínima de 1 e a definição máxima de 4.

**Nota:** Independentemente do máximo de reações falsas aqui definido, a análise de amostras para na primeira reação falsa encontrada.

### Separador Raw (Em bruto)

Apresenta os dados para a amostra atual como tabela de valores. Na janela de análise LABType no **Quadrante 2**, clique no separador **Raw** (Em bruto) para apresentar a **Tabela de dados em bruto**.



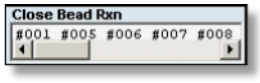

| Bead ID | Rxn | Raw | Normal | Pos Ctl | PC Raw | NC | NC Raw | OLI Cutoff | Sample Cutoff | Count |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 002 | 1 | 11.96 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 25 | 25 | 142 |
| 003 | 1 | 9.85 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 45 | 45 | 157 |
| 004 | 1 | 11.4 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 50 | 50 | 127 |
| 010 | 1 | 8.24 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 20 | 20 | 130 |
| 011 | 8 | 2690.72 | 145 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 35 | 35 | 143 |
| 012 | 1 | 9.8 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 60 | 60 | 138 |
| 013 | 8 | 1857.21 | 100 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 100 | 100 | 144 |
| 015 | 1 | 10.64 | 0 | 032 | 1414.53 | 035 | 12.48 | 35 | 35 | 123 |
| 017 | 1 | 10.3 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 25 | 25 | 145 |
| 019 | 8 | 1084.8 | 58 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 25 | 25 | 107 |
| 020 | 0 | 536.52 | 28 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 20 | 20 | 139 |
| 021 | 1 | 9.89 | 0 | 013 | 1857.21 | 035 | 12.48 | 30 | 30 | 102 |
| 022 | 1 | 11.74 | 0 | 032 | 1414.53 | 035 | 12.48 | 80 | 80 | 122 |

As colunas na tabela de Dados em bruto apresenta os seguintes tipos de dados:

- **Rxn** (Reação): (1=negativa, 8=positiva, 0=sem reação)
- **Raw** (Em bruto): dados em bruto para a média aparada fluorescente
- **Normal**: valor normalizado
- **PosCtl**: ID de esfera de controlo positivo
- **OLI Cutoff**: interrupção de limiar positiva OLI predefinida
- **Sample Cutoff** (Interrupção de amostra): interrupção de limiar positiva predefinida da amostra
- **Count** (Contagem): contagem de esferas

As esferas que tenham reações que recaiam no intervalo do limiar de esferas controladas são realçadas a **amarelo**.

- Estas *esferas controladas* também são indicados na caixa de texto **Close Bead** (Esfera controlada) no Quadrante 4.



O Limiar de esfera controlada pode ser definido para todas as sessões LABType recentemente importadas utilizando o menu **Utilities > Molecular Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produto molecular).

Isto define o intervalo de esferas controladas com base nos valores normalizados, **+/-** a partir da interrupção atual para a esfera para que uma esfera possa ser considerada uma esfera controlada e ser realçada a amarelo na tabela de dados em bruto. O valor predefinido é 3. Para alterar o valor de limiar, introduza um novo valor na caixa **Threshold** (Limiar) e prima a tecla **Enter** .

A tabela em bruto é instantaneamente atualizada e as filas com uma reação de esferas controlada são realçadas a amarelo.

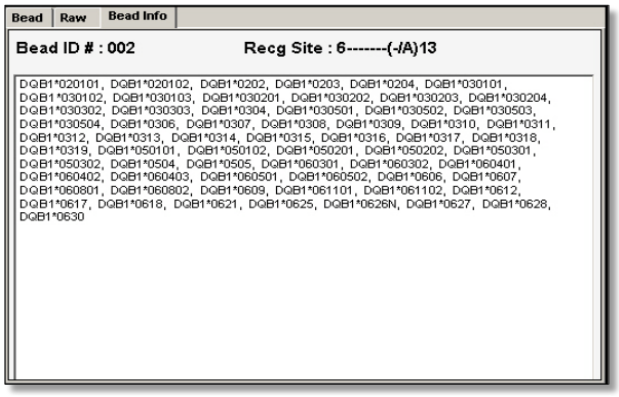
- Clique no botão **Maximizar** para expandir a **Tabela de dados em bruto**. Clique no botão novamente para minimizar a Tabela de dados em bruto.
- Clique em qualquer cabeçalho de coluna para ordenar a Tabela de dados em bruto por essa coluna. Clique duas vezes numa ID de esfera para selecionar essa esfera no separador Bead (Esfera).
- Os valores de contagem e IDs de esfera correspondentes a **vermelho** são aqueles que têm uma contagem de esferas *inferior* ao limiar de controlo positivo baixo. O limiar mínimo de contagem de esferas pode ser definido através do menu **Utilities > Molecular Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produto molecular) ou clicando em **[Edit]** (Editar) na parte de configuração do LABType da página inicial do LABType. O limiar predefinido é 100.

| Bead ID | Rxn | Raw | Normal | Pos Ctl | PC Raw | NC | NC Raw | OLI Cutoff | Sample Cutoff | Count |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 002 | 1 | 10.22 | 0 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 23 | 23 | 103 |
| 003 | 8 | 1328.81 | 44 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 15 | 15 | 41 |
| 004 | 8 | 2205.25 | 73 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 23 | 23 | 97 |
| 005 | 1 | 214.56 | 7 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 20 | 20 | 69 |
| 006 | 8 | 3675.94 | 123 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 30 | 30 | 99 |
| 007 | 8 | 2173.95 | 72 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 25 | 25 | 134 |
| 008 | 1 | 14.38 | 0 | 032 | 2502.84 | 035 | 10.87 | 60 | 60 | 141 |
| 009 | 1 | 235.59 | 8 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 20 | 20 | 101 |
| 010 | 1 | 77.78 | 3 | 032 | 2502.84 | 035 | 10.87 | 40 | 40 | 50 |
| 011 | 8 | 2603.98 | 87 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 20 | 20 | 98 |
| 013 | 8 | 2999.09 | 100 | 013 | 2999.09 | 035 | 10.87 | 100 | 100 | 124 |
| 014 | 1 | 64.08 | 2 | 032 | 2502.84 | 035 | 10.87 | 13 | 13 | 105 |

**Contagens de esferas inferior ao limiar de controlo positivo baixo**

## Separador Bead Info (Info de esferas)

Quando clicar no separador **Bead Info** (Info de esferas), apresenta as especialidades de alelos da esfera selecionada mais recentemente no histograma de CQ ou no gráfico de perfil de esferas, bem como o reconhecimento da sonda.

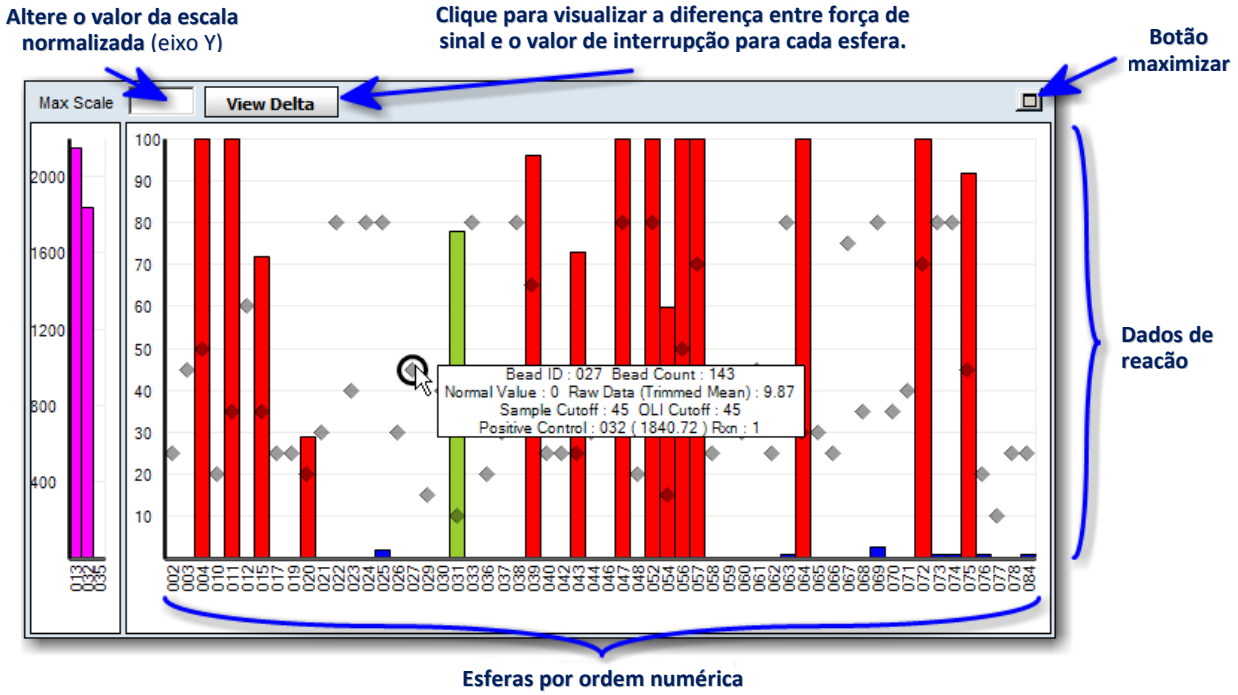



**Separador Bead Info (Info de esferas)**

## **Quadrante 3** (Perfil de reação)

### Perfil de reação

**Quadrante3** apresenta o perfil de reação para a amostra atual em relação a todas as esferas na análise.


Altere o valor da escala normalizada (eixo Y)
Clique para visualizar a diferença entre força de sinal e o valor de interrupção para cada esfera.
Botão maximizar
Max Scale
View Delta
Bead ID : 027 Bead Count : 143
Normal Value : 0 Raw Data (Trimmed Mean) : 9.87
Sample Cutoff : 45 OLI Cutoff : 45
Positive Control : 032 ( 1840.72 ) Rxn : 1
Dados de reacão
Esferas por ordem numérica

- **Eixo X:** Esferas indicadas por ordem numérica da esquerda para a direita
- **Eixo Y:** Valor normalizado (% positiva)
- **Pontos de dados:** As barras representam o valor normalizado para todas as esferas na amostra atual.
- **Cores das barras:** Reação positiva = **vermelho**; reação negativa = **azul**; esfera atual = **verde**.
- **Falso positivo ou Falso negativo:** Azul claro
- **Esfera excluída:** Cinzento

Quando uma barra é selecionada neste histograma, o histograma de perfil da esfera (no Quadrante 2) e o histograma do painel de CQ (no Quadrante 1) atualizam para apresentar a esfera selecionada.

Este histograma pode ser expandido quando clicar no botão **Maximizar** no canto superior esquerdo. O histograma maximiza a largura do seu ecrã, permitindo mais espaço para visualizar as barras no gráfico.

Clique novamente no botão para o histograma voltar ao seu tamanho original dentro do quadrante.

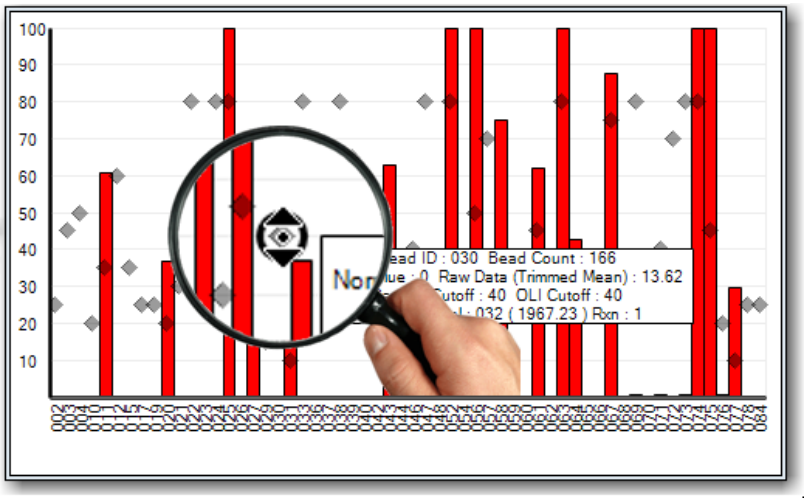
Os **losangos** dentro do histograma indicam a posição de interrupção atual de cada esfera.

Os ajustes de interrupção ao nível da esfera podem ser efetuados neste quadrante arrastando e largando as setas dentro das barras. Para ajustar valores de interrupção de esferas, siga estas instruções:

- Clique e mantenha premido o losango de interrupção de esferas e arraste-o para cima ou para baixo para uma nova definição de interrupção. O valor de interrupção é apresentado junto ao cursor e muda à medida que arrasta a barra para cima ou para baixo.

**Ajustar definições de interrupção de esferas**

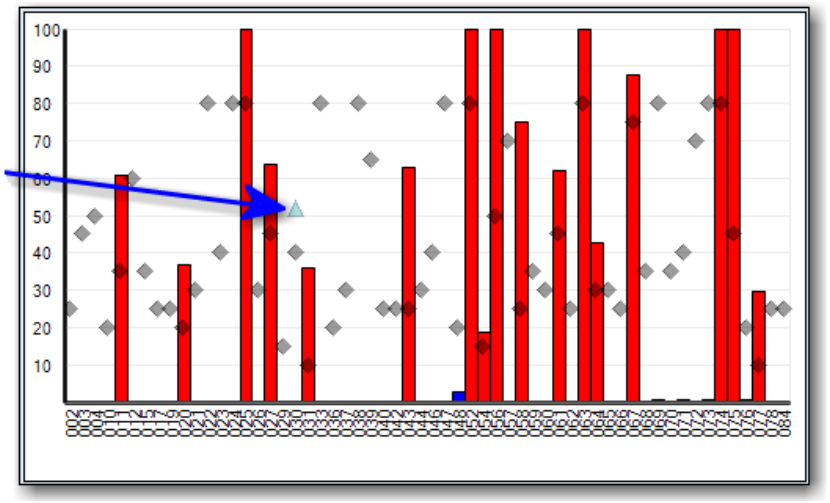
**Clique, arraste e largue estes losangos -para cima ou para baixo- para ajustar uma definição de interrupção de esferas.**



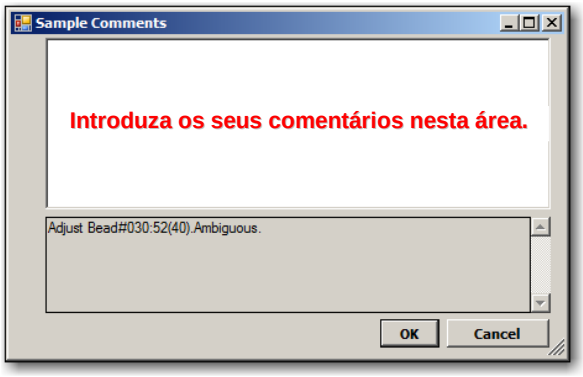

Quando tiver sido feito um ajuste de interrupção, o losango muda para uma seta delta que aponta na direção em que a interrupção foi movida. A ponta da seta aponta para o local do novo valor de interrupção de esferas ao longo do eixo x.

**Seta delta de interrupção de esferas**

**Mudança de sinal de interrupção**

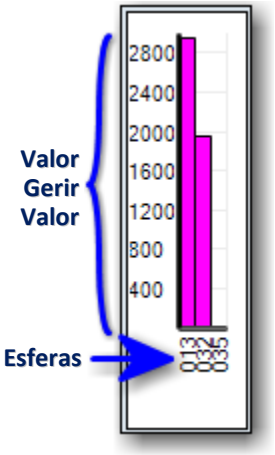


Pode passar com o ponteiro do rato sobre qualquer barra e os detalhes dessa esfera são apresentados para a amostra.




Pode adicionar comentários à amostra escrevendo no campo **Comment** (Comentário) na parte de baixo. Clicar duas vezes nesta caixa de texto abre uma janela muito maior para introduzir os seus comentários.

A barra **magenta** e o **branco** (ou a barra sem cor da direita) representam os valores de dados em bruto para as esferas de controlo positivo e negativo de um ensaio LABType:




Magenta
Positivo
Controlo

Branco
Negativo
Controlo

**Eixo X:** Esferas por ordem numérica.

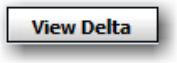
**Eixo Y:** Valor de dados em bruto (média aparada).

**Pontos de dados:** As barras representam o valor de dados em bruto de uma esfera vs. a reação da amostra.

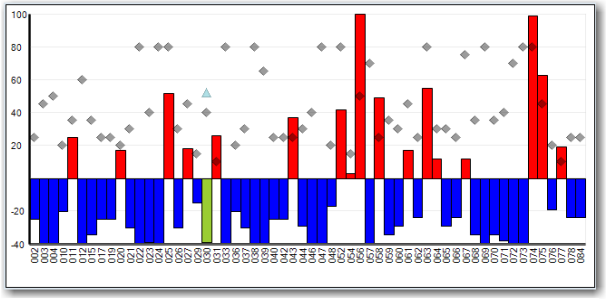
**Cores/disposição das barras:**

- Controlo positivo = **magenta**
- Controlo negativo = branco

Para expandir o histograma, clique duas vezes na área entre os Quadrantes 1 e 3. Para redimensionar o histograma para o seu tamanho original, clique duas vezes entre o Quadrante 1 e 3 novamente. Ou clique no botão **Maximizar/Minimizar** ▣.




Para visualizar os dados **Delta** (a diferença entre o sinal gerado e o ponto de interrupção para cada esfera) clique no botão **View Delta** (Ver delta).



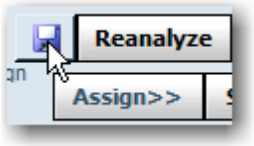

**Quadrante 3: Vista Delta**

Para voltar à vista normalizada, clique no mesmo botão que agora tem a inscrição **View Normal**

(Ver normal).

Preferia tornar View Delta (Ver delta) a vista predefinida para apresentação automática sempre que seja chamada uma amostra na janela de análise LABType?

- Guarde o esquema enquanto este quadrante estiver no modo View Delta (Ver delta) clicando no botão **Save Layout** (Guardar esquema).




Depois de sair do Fusion e iniciar sessão novamente, as suas sessões LABType irão apresentar o Quadrante 3 em modo View Delta (Ver delta).

## **Quadrante 4** (Resultados de teste)

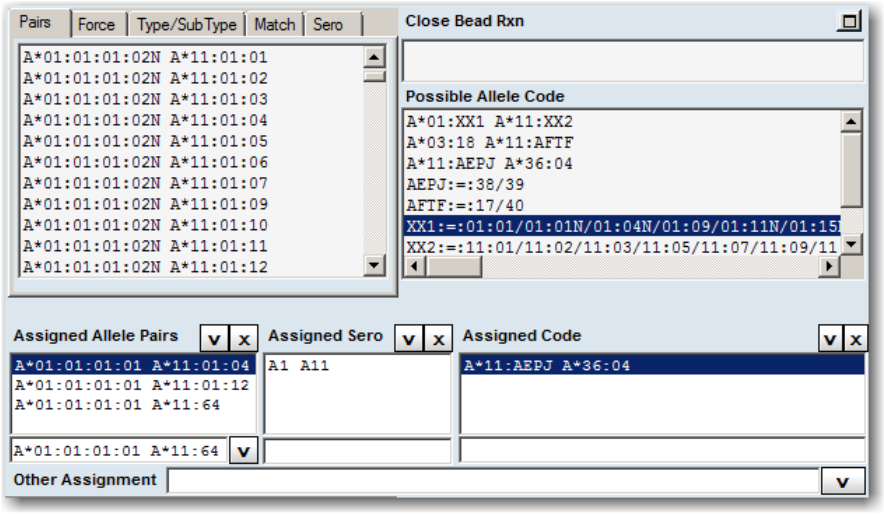
O **Quadrante 4** apresenta os resultados de tipologia para a amostra atual. No geral, os resultados de tipologia incluem resultados possíveis e atribuições de utilizador para pares de alelos, resultados codificados, resultados de equivalência serológica e outras atribuições.

O lado esquerdo mostra várias atribuições do separador de pares sugeridas pelo software. Deverá efetuar todas as atribuições finais trazendo um par sugerido para a área de atribuição final ou introduzindo um par de alelos.

Existe cinco separadores aqui:

- O separador **Pairs** (Pares) apresenta os resultados de possíveis pares de alelos que correspondem ao padrão de reação da amostra.
- O separador **Force** (Forçar) apresenta uma lista de resultados de possíveis pares de alelos alternativos para cada esfera se for permitida uma reação falsa adicional.
- Com o separador **Type/Subtype** (Tipo/sub-tipo), quando um alelo de uma lista for selecionado, os alelos correspondentes estão realçados noutra lista para mostrar possíveis correspondências.
- O separador **Match** (Correspondência) apresenta o formato codificado dos pares de alelos reais da amostra.
- O separador **Sero** (Serologia) apresenta todos os dados equivalentes a serologia sugeridos para a amostra com base nos pares de alelos possíveis.

O lado direito mostra possíveis atribuições de código de alelos para a amostra, bem como reações de esfera controladas.



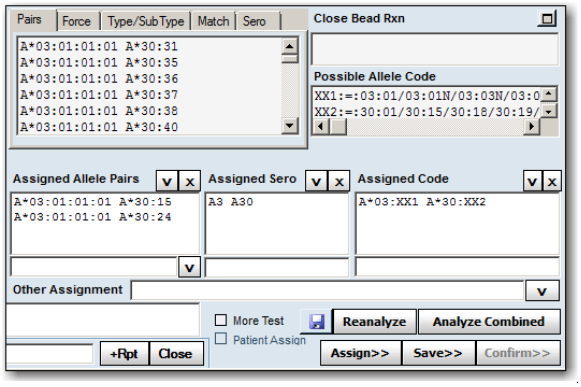

**Quadrante 4 – Resultados de teste**

## Separador Pairs (Pares)

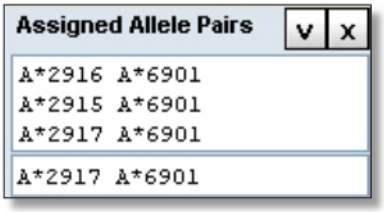
O separador **Pairs** (Pares) apresenta os resultados de possíveis pares de alelos que correspondem ao padrão de reação da amostra.

Os pares são sugeridos pelo HLA Fusion.

| | |
|---|---|
| **Pairs** | Displays allele pairs. |
| **Force** | Allows one force positive or negative. |
| **Type/Sub Type** | Displays two sets of alleles. When one of the first is selected, matches from the second are highlighted. |
| **Match** | Groups and condenses pairs with the same reaction pattern. |
| **Sero** | Displays all suggested serology equivalent data for the sample. |




- A lista identifica os pares e agrupa-os por pares de correspondência total (sem reações falsas) ou pelo número de reações falsas.
- Os resultados com reações falsas são listados com a identificação da esfera/poço responsável pela falsa reação.
- Os resultados apresentam um par de alelos por linha.
- Os resultados homozigóticos possíveis com código são anotados no campo **System Comment** (Comentário do sistema).



Os pares de alelos são agrupados por grupos de frequência demográfica:

- **G1** (é frequente em ambos os alelos)
- **G2** (é frequente em um de dois alelos)
- **G3** (não é frequente em nenhum alelo)

Cada grupo de pares de alelos é identificado por "(G#)" no final de cada par de alelos para indicar frequência demográfica.

Se os resultados de correspondência mais próxima incluírem uma reação falsa, a esfera de reação falsa também é indicada.

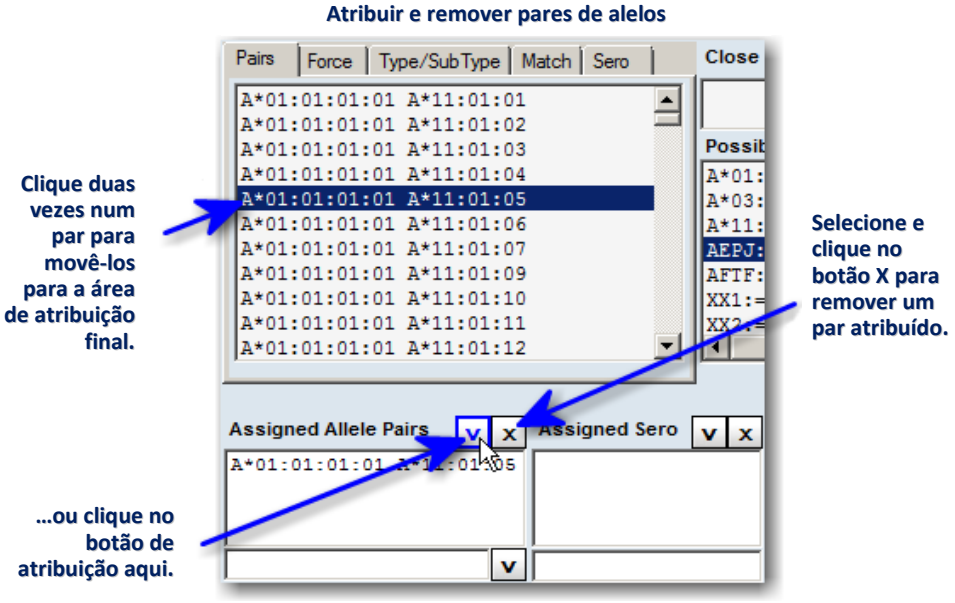
**No Solution** (Sem solução) é a indicação listada se não existirem resultados que correspondam às reações da amostra dentro de um número de falsas reações permitidas. Quando isto ocorre, aumente o número de reações falsas e volte a analisar.

### Atribuir um par de alelos da lista sugerida

**Clique duas vezes num par de alelos no separador Pairs (Pares) para o atribuir à área de atribuição final de pares de alelos.**

Em alternativa, pode clicar para realçar um par de alelos na lista do separador **Pairs** (Pares) e clicar no botão **seta para baixo V** (atribuir) junto ao título **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos) para o adicionar à área de atribuição final. Podem ser atribuídos múltiplos pares de alelos.

Para remover uma atribuição, clique e realce a atribuição na lista **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos) e clique no botão **X** (remover).



### Atribuir manualmente um par de alelos

As atribuições manuais devem ser introduzidas no **Campo de introdução manual**, em formato de nomenclatura de alelos padrão. Separe os alelos com um espaço.

1. Introduza uma atribuição no campo de texto abaixo da área **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos).
2. Prima a tecla **Enter** para apresentar o alelo introduzido na lista **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos) acima.

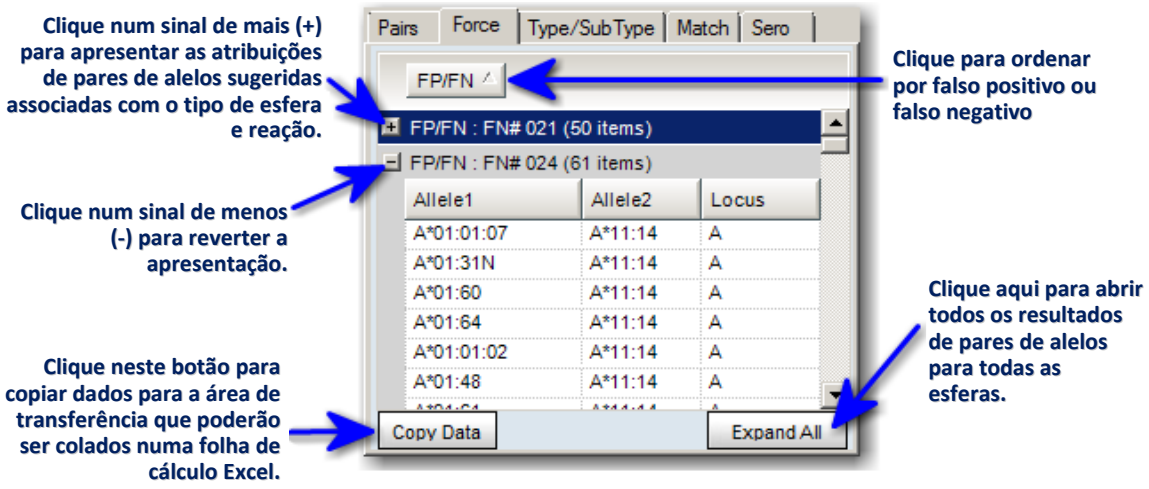
Também poderá efetuar uma atribuição no campo de introdução manual selecionando um par de alelos sugerido e clicando no botão **Atribuir** (**V**) para mover o par para o campo de entrada manual, premindo em seguida a tecla **Enter** .

**Nota:** Se realçara mais do que um par de alelos na Lista de pares, apenas o primeiro realçado é atribuído ao campo de entrada manual.

### Separador Force (Forçar)

O separador **Force** (Forçar) apresenta uma lista de resultados de possíveis pares de alelos alternativos para cada esfera se for permitida uma reação falsa adicional. Por outras palavras, quando existe um resultado de correspondência total, o sistema avalia a amostra com uma reação falsa única.

- Esta lista aplica-se apenas a uma (1) reação falsa forçada.
- Todos os resultados estão agrupados por ordem das esferas e reações—a predefinição é indicar as esferas por ordem ascendente, com as reações falsas negativas indicadas em primeiro.
- Utilize esta ferramenta para atribuições de alelos homozigóticos ou raros.
- As reações falsas são mostradas em barras **azul** claro no histograma no Quadrante **3** para facilitar localizar e ver dados de esferas.


Clique num sinal de mais (+) para apresentar as atribuições de pares de alelos sugeridas associadas com o tipo de esfera e reação.
Clique num sinal de menos (-) para reverter a apresentação.
Clique neste botão para copiar dados para a área de transferência que poderão ser colados numa folha de cálculo Excel.
Pairs
Force
Type/SubType
Match
Sero
FP/FN
FP/FN : FN# 021 (50 items)
FP/FN : FN# 024 (61 items)
Allele1
Allele2
Locus
A*01:01:07 A*11:14 A
A*01:31N A*11:14 A
A*01:60 A*11:14 A
A*01:64 A*11:14 A
A*01:01:02 A*11:14 A
A*01:48 A*11:14 A
Copy Data
Expand All
Clique para ordenar por falso positivo ou falso negativo
Clique aqui para abrir todos os resultados de pares de alelos para todas as esferas.

Os **resultados** são agrupados por tipo de esfera e reação, Falso Negativo (FN) ou Falso Positivo (FP).

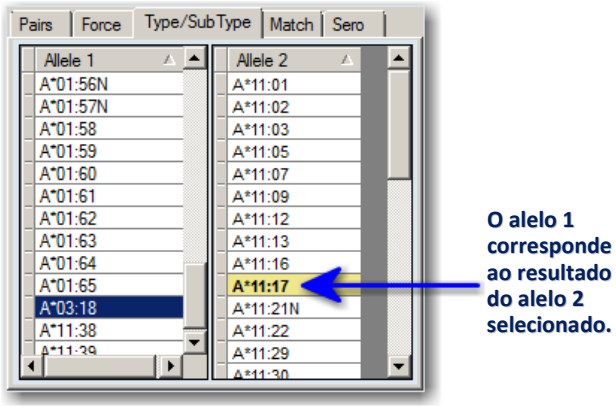
Poderá alterar a ordem clicando no botão **Allele 1 (Alelo 1), Allele 2 (Alelo 2) ou FP/FN** até os resultados serem apresentados pela sua ordem de preferência.

- Clique em qualquer **sinal de mais** (**+**) para apresentar as atribuições de pares de alelos sugeridas associadas com o tipo de esfera e reação.

Clique no botão **Expand All** (Expandir todos) para abrir todos os resultados de pares de alelos para todas as esferas em simultâneo.

Clique no botão **Collapse All** (Fechar todos) para fechar todos os resultados de todas as esferas em simultâneo.

- Clique em **Copy Data** (Copiar dados) para enviar uma cópia destes dados para a área de transferência do sistema para que possa ser colada numa folha de cálculo Excel.




Separador Type/Subtype (Tipo/Sub-tipo)

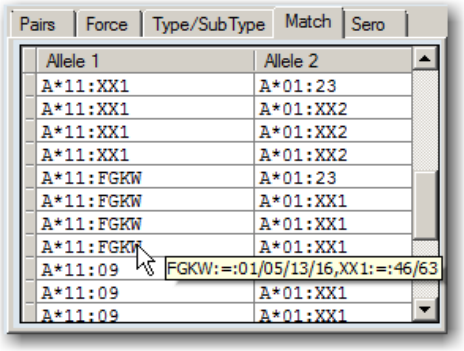
### Separador Type/Subtype (Tipo/Sub-tipo)

Quando um alelo do lado esquerdo da lista é selecionado, o(s) alelo(s) correspondente(s) é(são) realçado(s) no lado direito para mostrar possíveis correspondências nos resultados.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | A colocação lado-a-lado das duas listas não se destina a sugerir nenhum emparelhamento de alelos. |

## Separador Match (Correspondência)

O separador **Match** (Correspondência) apresenta o formato codificado dos pares de alelos reais da amostra. Um *par de reação correspondente* é um par de alelos (ou grupo de alelos) com um padrão de reação que apresenta uma correspondência total ao padrão de reação da amostra atual.




Separador Match (Correspondência)

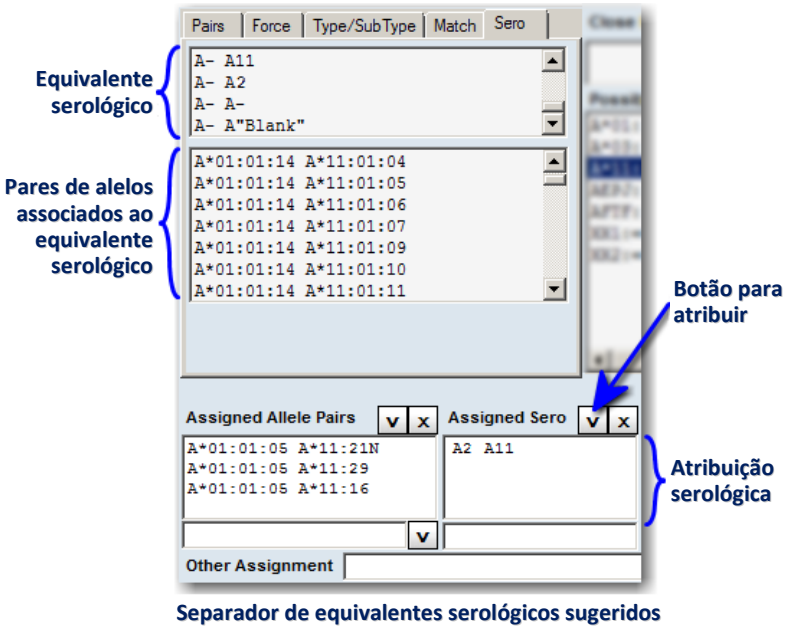
- Este resultado difere dos resultados de **Possible Allele Code** (Código de alelo possível). O **Possible Allele Code** (Código de alelo possível) condensa os resultados num único código sempre que possível.
- Ao passar o cursor sobre um formato de alelo codificado, é apresentada a definição do código respetivo.

## Separador Sero (Serologia)

O separador Sero (serologia) apresenta todos os dados equivalentes a serologia sugeridos para a amostra com base nos pares de alelos possíveis.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Certifique-se de que importou o ficheiro atual de equivalentes a serologia através do menu Utilities (Acessórios). Se selecionou a caixa de verificação Computer Assigned Serology (Serologia assistida por computador) para a configuração do produto LABType, ajustar os valores de interrupção resulta automaticamente nas atribuições de serologia. |

Só é possível efetuar uma atribuição de serologia de cada vez por locus para a amostra. Assim, uma atribuição de serologia atual é substituída se atribuir outra diferente.

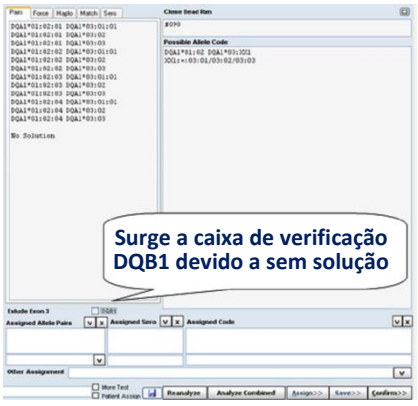



1. No Quadrante 4, clique no separador **Sero** (Serologia) para apresentar os equivalentes serológicos para a amostra atual no painel superior do separador, acima dos seus pares de alelos associados.

2. Clique duas vezes num equivalente e clique no botão **V** (atribuir) para copiá-lo para o campo **Assigned Sero** (Serologia atribuída).

3. Clique no botão **X** (remover) para eliminar uma atribuição serológica ou para selecionar e atribuir uma equivalência diferente para substitui-la.

**Nota:** Para definir resultados de serologia atribuídos automaticamente, selecione Computer Assigned Serology (Serologia atribuída por computador) na página de configuração do produto LABType.




## Excluir sondas Exon 3 para um locus

Se estiver a analisar amostras de um kit DPA/DPB ou DQA/DQB contendo sondas Exon 3, algumas das amostras podem resultar em reações falsas ou em sem solução. Isto deve-se as informações de sequência limitada disponíveis para sondas Exon 3. Para tais amostras, poderá escolher para analisar sem sondas Exon 3.

Conforme o exemplo mostra, se existir uma reação falsa ou nenhuma solução para amostras com estes loci, é apresentada uma caixa de verificação para permitir excluir o Exon 3. A caixa de verificação apenas surge com reações falsas.

Se excluir sondas Exon 3 para um locus, tem os seguintes resultados:

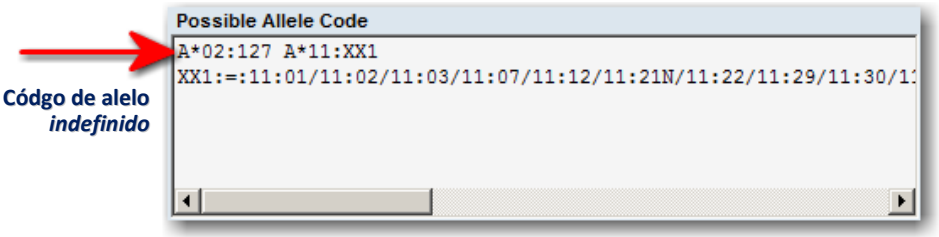
- É incluído um comentário no campo System Comment (Comentários do sistema) (Excluir sondas <loci> Exon 3).
- Todas as sondas Exon 3 são apresentadas como barras **cinzentas** no perfil de reação (Quadrante 3).
- A caixa de verificação <loci> é apresentada com uma marca de verificação.

**Nota:** Se o falso ou sem solução for corrigido efetuando ajustes de interrupção sem ter de excluir as sondas Exon 3, a caixa de verificação desaparece. Todas as exclusões manuais Exon 3 e/ou ajustes globais serão mantidas como estão, quer as sondas Exon 3 estejam incluídas ou excluídas.

### Atribuição de códigos de alelos

A atribuição de códigos de alelos é efetuada no painel mais à direita do Quadrante 4.

- O campo **Possible Allele Code** (Código de alelo possível) apresenta os resultados codificados possíveis para todos os resultados que correspondam totalmente à amostra.
- O tipo de código utilizado depende da sua seleção quando configurou o Fusion para análise do LABType ou para esta amostra - código NMDP (predefinido), código local (definido pelo utilizador) ou sem código.
- O resultado codificado possível é listado na secção superior do campo.
- A definição do código é listada por baixo.
- Se não existirem códigos para alelos sugeridos, então a sugestão é listada com XX, o que significa que o código é indefinido.
- Para múltiplas sugestões XX, cada sugestão distingue-se dos outros numerando como XX1, XX2 e assim por diante.

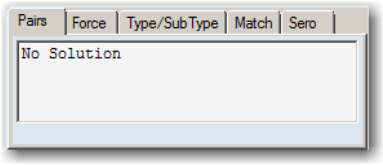



Código de alelo indefinido

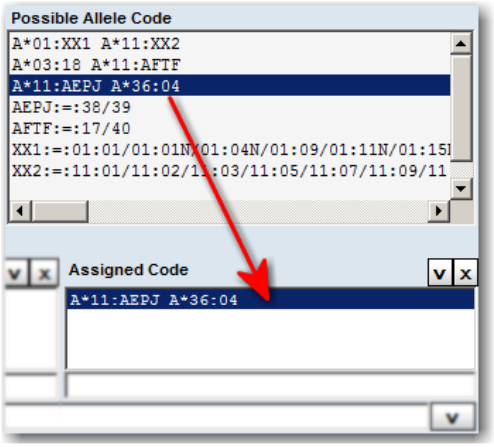
- Os códigos de alelos apresentados no campo **Possible Allele Code**(Código de alelo possível) são condensados pelo sistema com base nas sugestões da lista de pares de alelos possíveis apresentadas no separador **Pairs** (Pares).

- O código de alelo baseia-se no código NMDP atual ou no código local instalado no sistema. Por defeito, o sistema atribui códigos NMDP aos alelos. Opcionalmente, pode alterar estes códigos para No Code (Sem código), Local Code (Código local) ou Cross Code (Código transversal).

- **No Solution** (Sem solução) é a indicação listada se não existirem resultados que correspondam às reações da amostra dentro de um número de falsas reações permitidas. Se a amostra não apresentar solução, aumente o número de reações falsas no quadrante superior direito para um resultado sugerido.




## Atribuição de códigos de alelos




- Clique duas vezes no código de alelo possível ou selecione o código sugerido e clique no botão **V** (atribuir).

- Clique no botão **X** (remover) para remover uma atribuição de código de alelo.

## Atribuição manual de códigos de alelos

1. Introduza uma atribuição no campo de texto imediatamente abaixo de **Assigned Allele Code** (Código de alelo atribuído). Certifique-se de que introduz a atribuição com o formato de código de alelo correto:

   - O formato da nova nomenclatura: **X*##:##(####) X*##:##(####)**, em que **X**=tipo de locus e **#**= número de código).

   - O formato da nomenclatura anterior: X*#### X*####, em que X=tipo de locus e #= número de código).

Caso contrário, o Fusion não o aceita e pede que efetue correções.

**Nota:** Se clicar no botão **Translate** (Traduzir) para apresentar alelos no formato da nova nomenclatura, não poderá introduzir manualmente um código de alelo, exceto se reanalisar a amostra e os alelos voltarem a ser apresentados no formato da nomenclatura anterior.

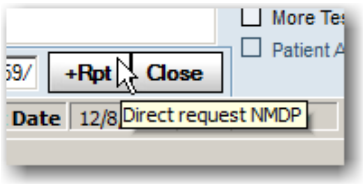
Prima a tecla **Enter** para mover o código de alelo que introduziu no campo **Assigned Allele Code** (Código de alelo atribuído).

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Se tiver um resultado homozigótico, o código atribuído pode ser editado no campo Manual Allele Code (Código de alelo manual) para mostrar uma vez os resultados com código homozigótico. |

### Códigos de alelos desconhecidos

Os códigos de alelos desconhecidos são assinalados com **XX**, seguido de um número sequencial. Os números são reiniciados em **1** para cada amostra e locus. Se vir códigos desconhecidos, primeiro, deve certificar-se de que importou o ficheiro de NMDP mais recente. Se tiver o ficheiro de código mais recente e continuar a ver códigos XX, poderá armazenar estes desconhecidos para submissão posterior ao NMDP num ficheiro "**.**txt" com o nome **nmdp_code_report.txt**,(armazenado por defeito em **`C:\OLI Fusion\data\NMDPExport`**)mas a localização pode ser alterada modificando o caminho em **Utilities>URLs & Paths** [Acessórios > URLs e caminhos)). As informações do código são incluídas neste ficheiro de texto à medida que são adicionadas; as adições mais recentes encontram-se no final.

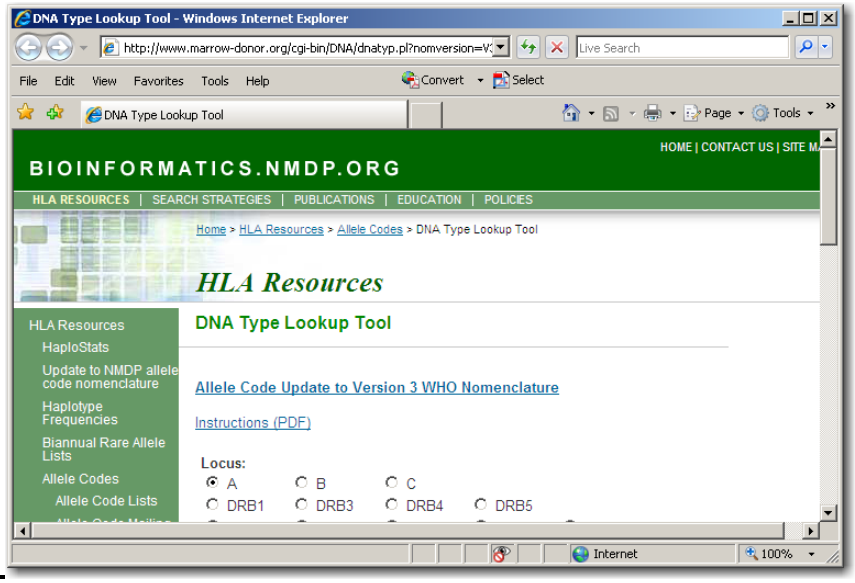
1. No campo **Possible Allele Code** (Código de alelo possível), clique no código XX para apresentar os botões do Relatório de código NMDP (à direita do campo System Comment [Comentário do sistema]).



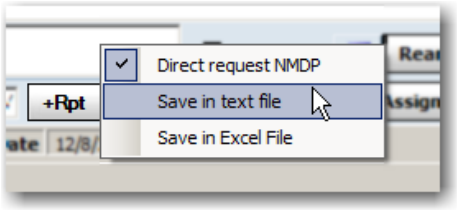

Botões de relatório de código NMDP:

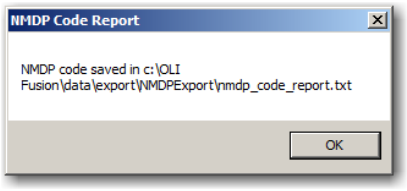
Clique no botão **Atribuir** (**V**) e escolha uma das seguintes opções:

- Para enviar a informação de código desconhecida diretamente para NMDP, clique no botão **+RPT** . Se estiver ligado à Internet, o Fusion irá abrir a página de Internet *Bioinformatics.NMDP.Org*.


DNA Type Lookup Tool - Windows Internet Explorer
BIOINFORMATICS.NMDP.ORG
HLA RESOURCES | SEARCH STRATEGIES | PUBLICATIONS | EDUCATION | POLICIES
HLA Resources
DNA Type Lookup Tool
Allele Code Update to Version 3 WHO Nomenclature
Instructions (PDF)
Locus:

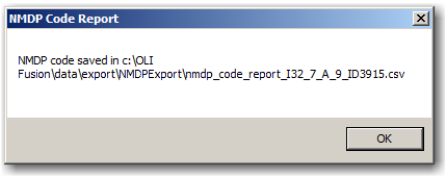
- Para adicionar as informações de código desconhecido a um ficheiro de texto (por defeito, guardado em **`C:\OLI Fusion\data\NMDPExport`**) clique com o botão direito do rato no botão **+Rpt** e selecione **Save in text file** (Guardar em ficheiro de texto).




- Depois do código desconhecido ser guardado, o Fusion apresenta uma mensagem de confirmação de que o ficheiro de texto foi guardado.

- Para adicionar as informações de código desconhecido a um ficheiro Excel (por defeito, guardado em **`C:\OLI Fusion\data\export\NMDPExport`**), clique com o botão direito do rato **+Rpt** e selecione **Save in Excel File** (Guardar em ficheiro Excel).




Depois do ficheiro de folha de cálculo ter sido guardado, o Fusion apresenta uma mensagem de confirmação.

Quando terminar, clique no botão **Close** (Fechar) (à direita do botão **+Rpt**) para remover os botões do visor.

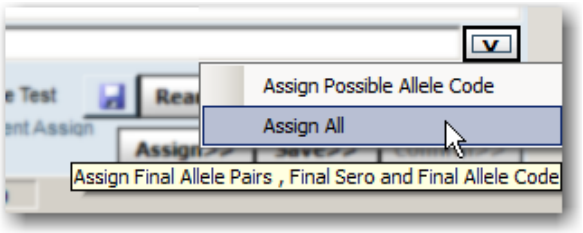
**Nota:** O botão **+Rpt** retém a última seleção que efetuou (direta, texto ou Excel) para que possa ser utilizada como atalho. A menos que pretenda alterar a sua seleção, a próxima vez que reportar o código XX basta clicar em **+Rpt**.

### Outra atribuição

O campo **Other Assignment** (Outra atribuição) poderá ser utilizado para realizar uma atribuição simples que não esteja limitada a qualquer formato. Além disso, pode realçar e adicionar as atribuições de serologia, pares ou códigos de alelos ao campo para modificação.

Pode realizar outras atribuições de códigos segundo uma de duas formas:

- Introduza um par de alelos ou código de alelo no campo **Other Assignment** (Outra atribuição).




- Clique no botão **V** (atribuir) e selecione uma de duas opções:

1. Para atribuir apenas o código de alelo possível, selecione **Assign Possible Allele Code** (Atribuir código de alelo possível) para trazer o Código de alelo possível realçado para o campo Other Assignment (Outra atribuição).

2. Selecione **Assign All** (Atribuir tudo) para inserir as atribuições de Código de alelo possível, Serologia atribuída ou Pares de alelos atribuídos no campo Other Assignment (Outra atribuição).

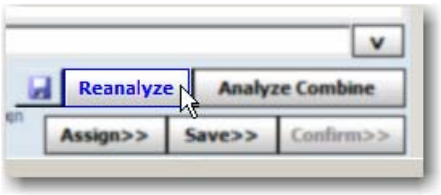
Também pode optar por modificar qualquer parte do código copiado.

Os alelos introduzidos são atribuídos e incluídos em relatórios que são executados e que incluem esta amostra, mas as atribuições de alelos feitas desta forma não estão indicadas no campo de atribuição final para esta amostra.

### Reanalisar

Se tiver importado um novo código NMDP, código local ou ficheiro de equivalentes a serologia para o sistema **ou** alterar o número de reações falsas permitidas para uma amostra sem solução, poderá clicar o botão **Reanalyze** (Reanalisar) para analisar os dados utilizando o(s) novo(s) ficheiro(s) de referência ou para refletir alterações de reação falsa.

**Botão Reanalyze (Reanalisar)**



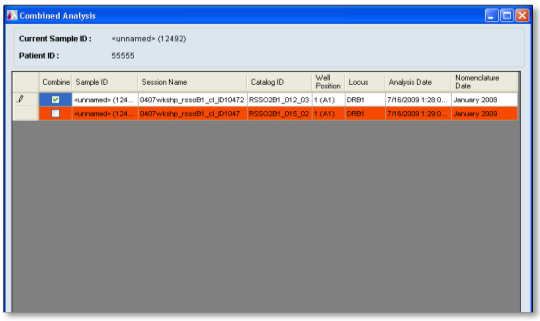

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Esta reanálise substitui apenas os códigos NMDP, local ou serológicos com diferentes definições de reações falsas. Todas as outras alterações de definições resultam geralmente numa reanálise automática da amostra imediatamente seguindo a alteração de definições. |

### Analisar sessões LABType combinadas

O HLA Fusion suporta uma função de análise combinada para ambas as sessões de análise LABType e Micro SSP. Numa análise combinada, as reações de dois testes da mesma amostra são combinadas numa única análise que poderá gerar um resultado de resolução superior. O teste anterior deverá ter a mesma ID de amostra.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Para combinar uma amostra LABType genérica ou HD com Exon 4-7, a combinação deverá ser efetuada a partir do 4-7. |

Na janela Window (Análise) clique no botão **Analyze Combined** Analyze Combined (Analisar combinado). A janela de contexto seguinte apresenta uma lista de sessões anteriores que utilizaram a amostra atual e partilham a mesma ID de amostra.




1. Selecione as sessões anteriores pretendidas ao selecionar a caixa de verificação Combine (Combinar) associada.

2. Clique no botão **Analyze** Analyze (Analisar) na parte inferior da janela de contexto.

    - A tabela de padrão de reação inclui dados de esferas para todos os testes de amostra. As listas de ID de esfera desta tabela fornecem a indicação de que as sessões selecionadas foram combinadas e reanalisadas.

    - Se combinar uma amostra no formato de nomenclatura anterior com uma amostra no formato de nomenclatura mais recente, os pares de alelos e o código possíveis e atribuídos são apresentados no novo formato. Se a amostra com o formato de nomenclatura anterior contiver um alelo que não esteja incluído na nova nomenclatura, esse alelo mais antigo é ignorado.

Para repetir a análise combinada, clique no botão **Reanalyze Combine** (Reanalisar combinado).

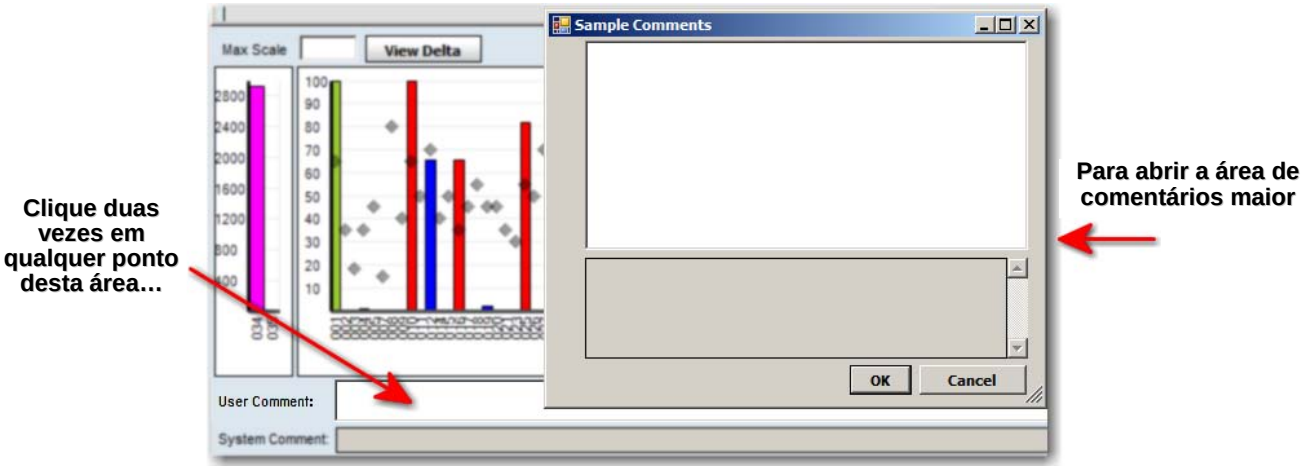
- Se as datas de nomenclatura entre a atual e as que estão a ser combinadas com ela entrarem em conflito, as sessões selecionadas são realçada(s) a vermelho.

- Se clicar no botão **Analyze** (Analisar) e existir um conflito de datas de nomenclatura, é apresentada uma mensagem de aviso que permite optar entre continuar e cancelar a análise combinada. Se continuar, será utilizada a nomenclatura do teste de amostra selecionado para combinar com o atual.

### Adicionar comentários do utilizador às amostras

Os comentários que o utilizador ou o sistema Fusion adicionam no campo **Comments** (Comentários) são apresentados com os resultados das amostras nas funções atuais de sessão de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion. Estão separados em comentários do utilizador e do sistema. Poderá apenas adicionar ou editar no campo de comentários do utilizador.

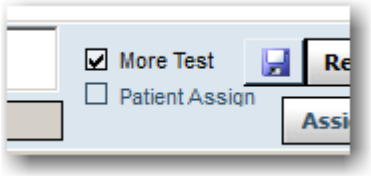
1. Na janela de análise, introduza os seus comentários da amostra no campo **User Comment** (Comentário de utilizador) abaixo da área Assignments (Atribuições), (máximo de 255 carateres).




Campo de comentários

Os comentários são guardados apenas depois de clicar nos botões **Save** Save>> (Guardar) ou **Confirm** Confirm>> (Confirmar).

### Sinalizar uma amostra para testes adicionais



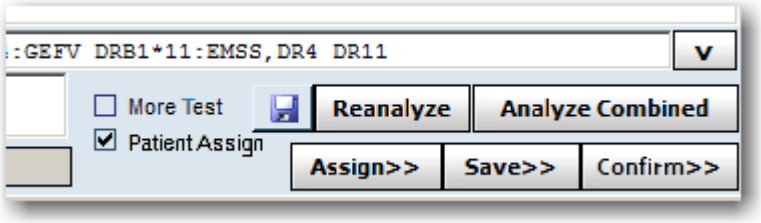

Pode indicar a necessidade de realizar testes adicionais numa amostra selecionando a caixa de verificação **More Test** (Mais testes).
A indicação More Test (Mais testes) é apresentada nos resultados, pesquisa de dados e relatórios para a amostra.

### Atribuir resultados de códigos de serologia e alelo a um paciente

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Esta função está disponível apenas a supervisores do laboratório e para amostras guardadas. |

Esta caixa de verificação é apresentada a cinzento até a amostra ter sido guardada ou atribuída e apenas poderá ser selecionada por quem tenha privilégios de supervisor do laboratório. Se selecionada, os resultados de código de serologia e alelo são então adicionados ao registo do paciente.

- Na janela de análise, assinale a caixa de verificação **Patient Assign** (Atribuir paciente) abaixo da área Assignments (Atribuições).




- Clique em **Confirm>>** (Confirmar) para conservar esta definição.

- Se atribuiu anteriormente resultados ao paciente, é apresentada uma mensagem a perguntar se pretende ou não sobrepor a atribuição anterior.

O botão Print Screen (Imprimir ecrã) imprime a janela de análise atualmente apresentada.

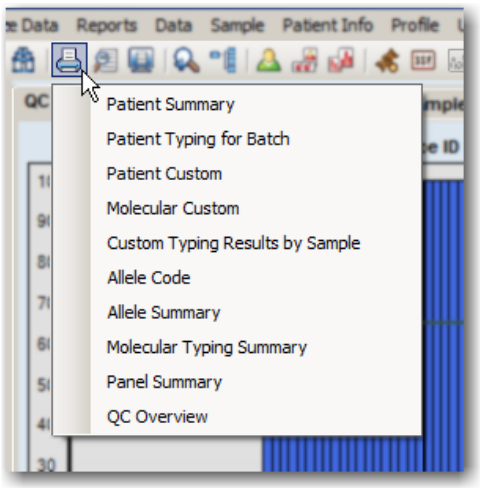
- Na janela de análise, clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas do Fusion para imprimir o ecrã de análise atual.

### Pré-visualizar ou imprimir relatórios

Para visualizar um relatório LABType para a amostra atual, utilize os botões **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) e/ou **Print Report** (Imprimir relatório) na barra de ferramentas.

Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista dos relatórios que pode pré-visualizar ou imprimir para a amostra atual.

Ou passe com o ponteiro do rato sobre o botão **Print** (Imprimir) para ver uma lista de relatórios disponíveis.




**Nota:** Se selecionar Molecular Custom (Relatório molecular personalizado), não é possível criar um novo relatório personalizado nesse momento. Os únicos relatórios de personalização disponíveis na janela de análise são os que possam ter sido anteriormente criados através da janela **Reports** (Relatórios).

### Atribuir resultados codificados

Utilize o botão **Assign** (Atribuir) para atribuir e guardar todos os resultados codificados possíveis não ambíguos (os resultados para os quais existe apenas um resultado codificado). Para a atribuição de pares serológicos ou de alelos ou quando pretender escolher no caso de resultados ambíguos, terá de movê-los manualmente para Assigned (Atribuído) e clicar no botão **Save** (Guardar).



### **Traduzir** (apenas para formato de nomenclatura não atual)

O botão **Translate** (Traduzir) é apresentado apenas se o formato de alelos da amostra estiver com uma nomenclatura mais antiga. Clicar no botão Translate (Traduzir) tem os seguintes efeitos:



- Traduz e apresenta todos os códigos/pares de alelos/haplo atribuídos (exceto os do campo Other Assignment [Outra atribuição]) e possíveis no formato de nomenclatura mais recente.
- Se não for possível encontrar um alelo correspondente no novo formato, o alelo continua a ser apresentado no formato antigo.
- Pode visualizar e imprimir esta visualização, mas os resultados não podem ser guardados ou incluídos em relatórios.
- Para voltar ao formato de alelos antigo, pode navegar para outra amostra e voltar em seguida a esta amostra.

### Guardar atribuições

**Nota:** Certifique-se de que efetuou as atribuições antes de guardar.

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório.

- Na janela de análise, clique no botão **Save** (Guardar) (localizado no canto inferior direito da janela de análise) para guardar os resultados da análise para todas as especificidades listadas atualmente na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).



- O botão **Save>>** (Guardar) não atribui resultados; simplesmente guarda os resultados e comentários da amostra.

| **Nota:** | Se forem adicionados comentários, a amostra terá de ser guardada para que os comentários também sejam guardados. |
|---|---|

- Depois de guardar, o Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte.
- Para fins de confirmação, um Supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as designações. Pode voltar à amostra em qualquer altura antes da confirmação.
- Se for necessário efetuar alterações, clique no botão **Reanalyze**

(Reanalisar) e, em seguida, clique novamente no botão **Save** (Guardar).

### Confirmar atribuições

Os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. Quando eles o fazem, as amostras são assinaladas como ***Approved*** (Aprovado). O botão **Confirm** (Confirmar) é apresentado a **roxo** Quando visualiza uma amostra confirmada.

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm**

(Confirmar), localizado no canto inferior direito da janela, para confirmar todos os resultados das análises que foram guardados na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).
- Passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.
- Quando regressa pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm**

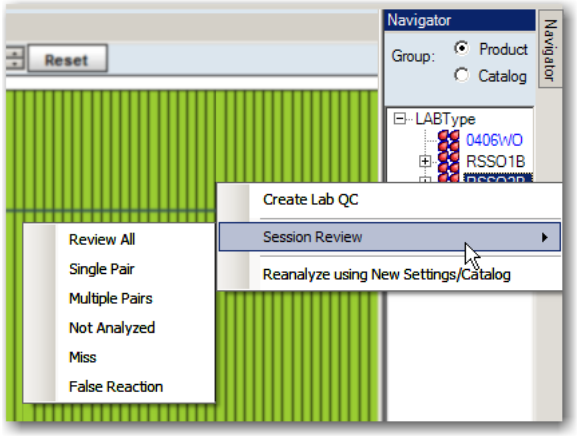
(Confirmar) está agora sombreado a **roxo** para informar que foi confirmada anteriormente.

# Opções do menu do botão direito do rato do Navigator (Navegador) para LABType

## Opções ao nível da sessão

Existem três opções de menu que são apresentadas se clicar com o botão direito do rato numa sessão ativa no Navigator (Navegador) (selecione primeiro a sessão clicando com o botão esquerdo do rato):

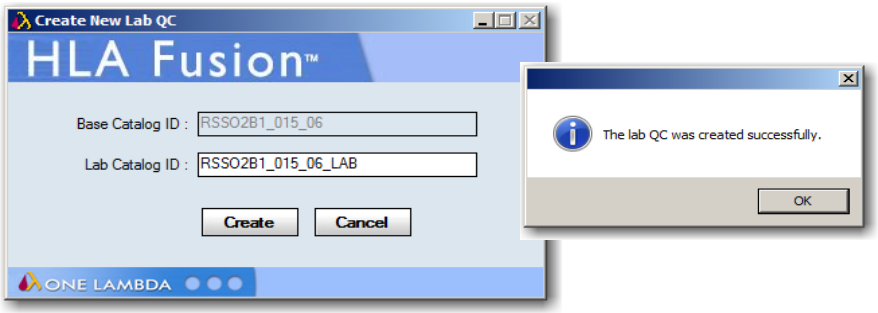
**Opções do menu do Navigator (Navegador) ao nível da sessão**




### Criar o CQ Lab

Permite guardar o ficheiro de catálogo e os parâmetros de CQ da sessão selecionada como painel **Lab QC** (CQ lab).

- Este CQ local é configurado de forma semelhante a um ficheiro de catálogo onde o utilizador pode, ao iniciar uma *nova* análise, selecionar o CQ local da lista de catálogos. As informações de CQ local são então utilizadas na sessão de análise em vez do CQ One Lambda.
- Quando selecionado, é apresentada uma caixa de diálogo solicitando que atribua um nome ao novo CQ laboratorial (nome predefinido = **`[ID de catálogo atual]_LAB`**).

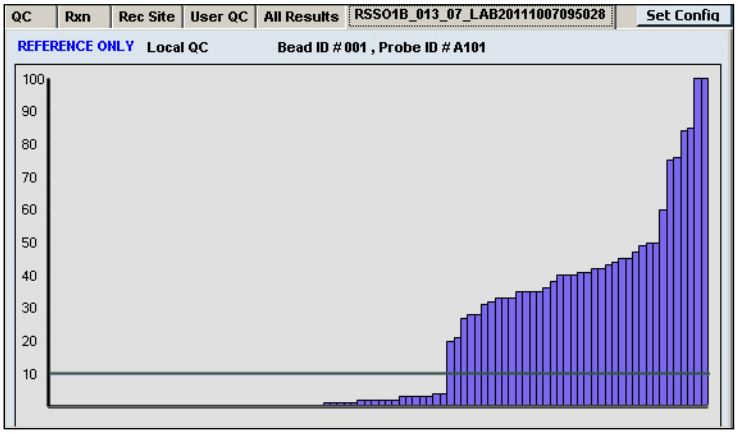



**Caixa de diálogo Create new QC Session**
**(Criar nova caixa de diálogo de sessão de CQ)**

Depois de aceitar ou de introduzir o nome, clique no botão **Create** (Criar).



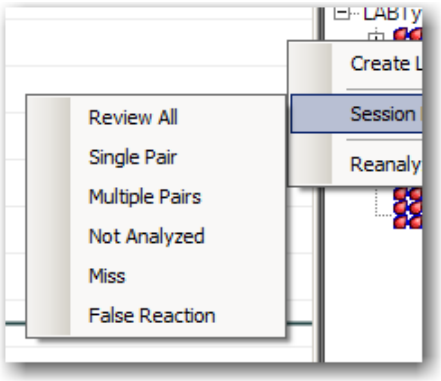
- O sistema guarda em seguida a sessão atual como CQ local utilizando o nome selecionado incluído com um carimbo de data e hora (formato: aaaammddhhmmss).
- Para ***novas*** sessões, este CQ local está disponível para seleção na lista pendente de ficheiros de catálogo ao importar sessões LABType.
- Este CQ também está indicado na lista pendente **View QC** (Ver CQ) através do menu de configuração de amostras LABType quando abre uma nova sessão de análise.




CQ local depois de ser selecionado em View Lab QC (Ver CQ laboratorial)

## Revisão de sessão

Esta opção obtida clicando o botão direito do rato fornece vários sub-menus (critérios de filtros) que permitem rever as amostras numa sessão de acordo com o tipo de resultados obtidos:




- **Review All** (Rever todas) (predefinição) - todas as amostras estão indicadas e disponíveis para análise.
- **Single Pair** (Par único) - apenas são indicadas amostras com resultados não ambíguos (amostras apresentadas com marcadores quadrados vermelhos no gráfico de Resumo de resultados no separador Summary [Resumo]).
- **Multiple Pairs** (Pares múltiplos) - apenas são indicadas amostras com resultados ambíguos (amostras apresentadas com marcadores quadrados laranja no gráfico de Resumo de resultados no separador Summary [Resumo]).
- **Not Analyzed** (Não analisadas) – quando selecionado, o Navigator (Navegador) apresentará apenas essas amostras ou sessões que tenham sido importadas mas que ainda não foram analisadas. Estas sessões surgirão a **azul**.

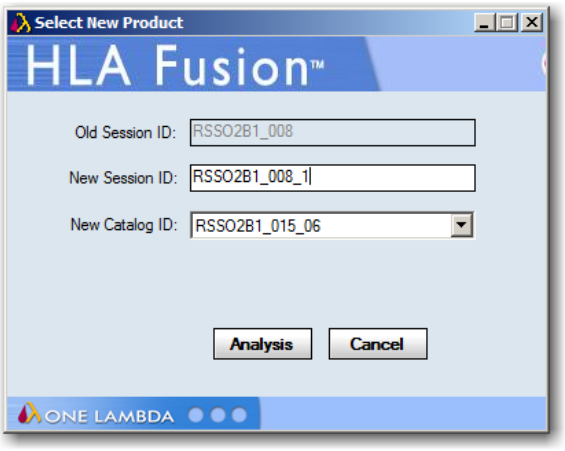
**Miss** (Perda) - apenas são indicadas amostras sem solução (amostras apresentadas com marcadores quadrados cinzentos no gráfico de Resumo de resultados no separador Summary [Resumo]) de sessão.

- **False Reaction** (Reação falsa) - apenas são indicadas amostras com reações falsas (amostras apresentadas com marcadores quadrados cor-de-rosa no gráfico de Resumo de resultados no separador Summary [Resumo]) de sessão.

As amostras na sessão onde clicou com o botão direito do rato são filtradas com base na opção de sub-menu que selecionou. Os critérios de filtro são então carregados na lista de navegação de lote. O Fusion leva-o em seguida para a janela de análise onde as amostras são apresentadas pela ordem da lista de navegação de lote.

### Reanalisar com nova nomenclatura

Permite reanalisar a sessão utilizando um ficheiro de catálogo novo ou atualizado.



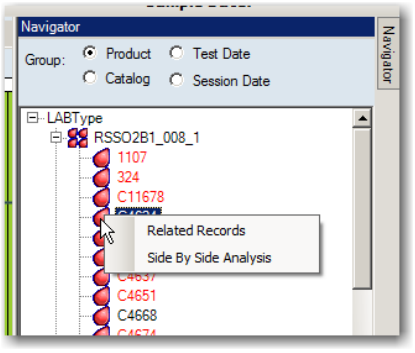

1. Modificar ou alterar o nome da **Old Session ID** (ID de sessão antiga) dando-lhe uma **New Session ID** (ID de nova sessão).

2. Clique na seta pendente no campo e **New Catalog ID** (ID de novo catálogo) e selecione um novo ficheiro de catálogo da lista.

3. Clique no botão **Analysis** (Análise). A sessão na qual clicou com o botão direito do rato é agora reanalisada utilizando o ficheiro de catálogo que selecionou.

## Opções ao nível da amostra

Existem duas opções de menu que são apresentadas se clicar com o botão direito do rato numa amostra ativa no Navigator (Navegador) (selecione primeiro a sessão clicando com o botão esquerdo do rato): **Related Records** (Registos relacionados) e **Side-By-Side Analysis** (Análise lado a lado).

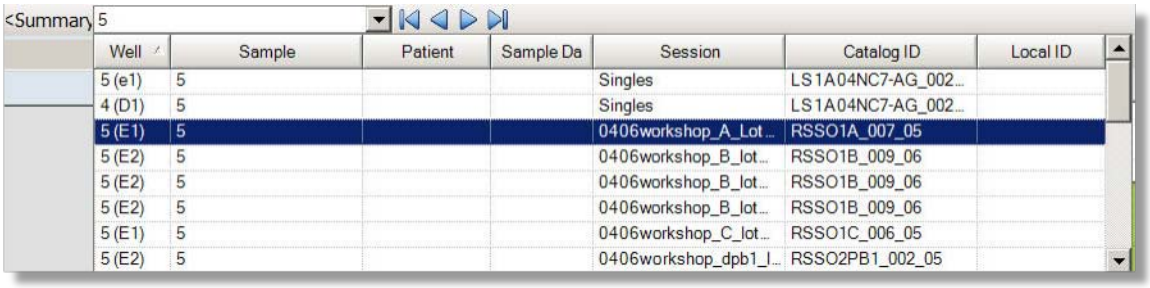


### Related Records (Registos relacionados)

Um **registo relacionado** é um registo que está associado à amostra atual através da ID de paciente ou da ID de amostra.

**Nota:** Esta opção também está disponível ao utilizar o botão **Related Records** (Registos relacionados) da barra de ferramentas.

Selecione esta opção do menu para carregar todos os registos relacionados com a amostra atual na lista pendente Sample (Amostra).



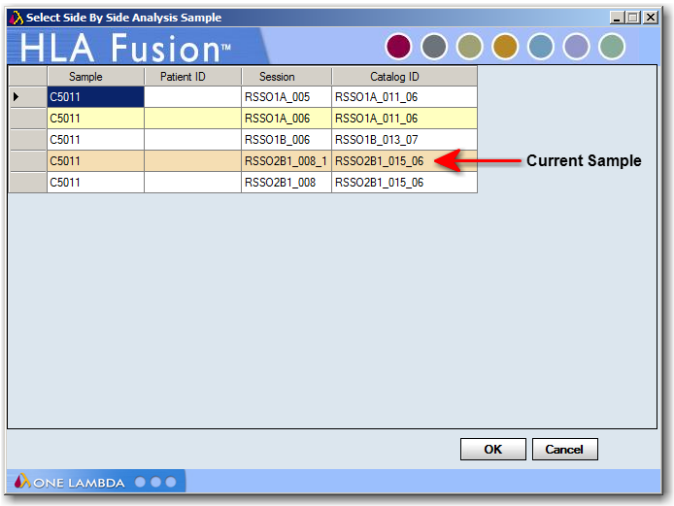

**Lista pendente de amostras para os registos relacionados**

- Utilize as setas de navegação da amostra para apresentar a análise de cada registo relacionado um por um.
- Para voltar a visualizar as amostras na sessão atual, clique na ligação **<<Summary** (<<Resumo) na parte superior da janela.

### Side By Side Analysis (Análise lado a lado)

Utilize esta opção para comparar a análise da amostra atual com a anteriormente realizada.

**Nota:** Esta opção também está disponível ao utilizar o botão **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado) da barra de ferramentas.

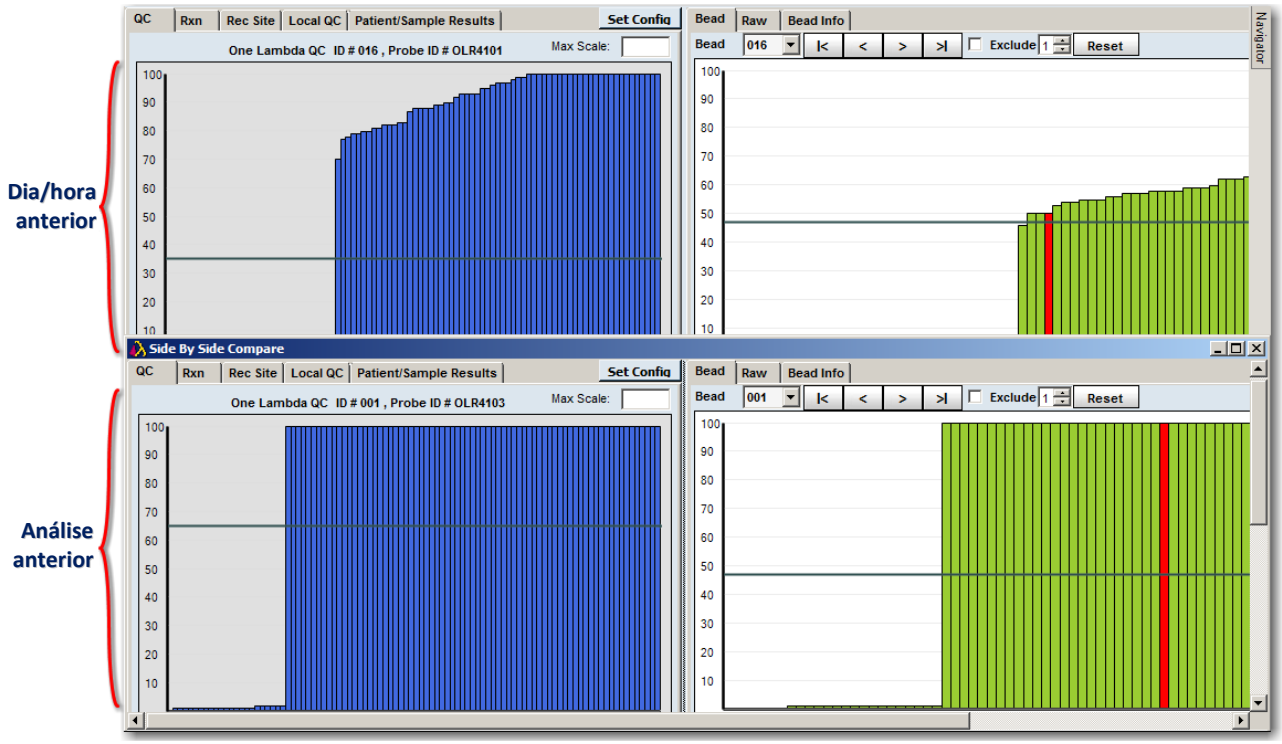



**Opção do menu Side-by-Side Analysis (Análise lado a lado)**

A análise de amostra atual apresentada no ecrã tem um fundo **castanho**-claro.

Selecione uma análise de amostra anterior na lista apresentada para a comparar com a atual.

1. Clique no botão **OK** para apresentar as duas janelas de análise numa janela de comparação.



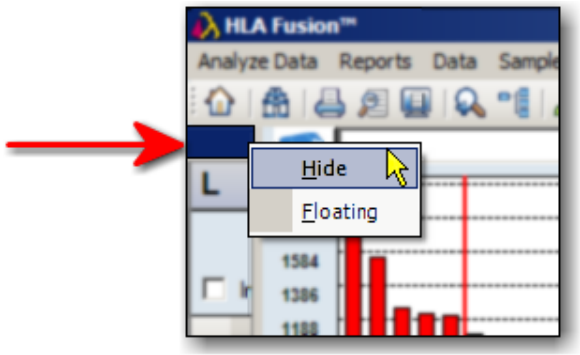

**Exemplo de janelas de análise lado a lado**

Cada janela pode ser redimensionada e movida arrastando e largando.

1. Clique no botão **Side-By-Side Analysis** (Análise lado a lado) da barra de ferramentas para cancelar a apresentação da comparação.

## O Explorador do Fusion

Pode remover o Explorador do Fusion que se encontra do lado esquerdo do ecrã (também conhecido como o painel de página inicial) para aumentar a área de ecrã disponível para análise ou por uma questão de preferência pessoal.



Para remover temporariamente o Explorador do Fusion, proceda da seguinte forma:

1. Clique com o botão direito do rato na caixa azul-escura na parte superior do Explorador do Fusion (se estiver cinzenta, clique para mudar para a cor azul).
2. Clique em **Hide** (Ocultar) e o Explorador do Fusion desaparece.

   Para repor o Explorador do Fusion, clique no ícone **Home** (Início) na barra de ferramentas.

Para pousar temporariamente o Explorador do Fusion sobre uma janela de análise, proceda da seguinte forma:

1. Clique com o botão direito do rato na caixa azul-escura na parte superior do Explorador do Fusion.
2. Selecione **Floating** (Flutuante) no menu pendente e o Explorador do Fusion desencaixa-se. Clique com o botão esquerdo do rato na área azul-escura para reposicionar o Explorador do Fusion.
   a. Pode posicionar o Explorador do Fusion em qualquer ponto sobre a janela de análise.
   b. Em alternativa, utilize o rato para clicar, arrastar e largar o Explorador do Fusion na parte superior, inferior ou numa das partes laterais do ecrã principal para o encaixar numa nova localização.

Para repor o Explorador do Fusion na sua localização predefinida, clique, arraste e largue o Explorador no extremo esquerdo do ecrã principal.

# Análise Micro SSP

Os tabuleiros de tipologia do Micro SSP™ HLA utilizam a tecnologia de primer específico da sequência. Estes tabuleiros estão disponíveis no formato de 96 poços. Os resultados da análise baseiam-se nas especificações do catálogo, no código NMDP e nas referências de equivalentes a serologia que pode importar através do software Fusion.

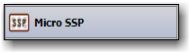
O software sugere as atribuições de pares de alelos, mas a atribuição final tem de ser realizada pelo utilizador. Os resultados podem ser guardados na base de dados para revisão posterior por técnicos de laboratório e para aprovação final pelos supervisores do laboratório.

Existem alguns pontos que devem ser concluídos ou verificados antes de iniciar uma sessão de análise:

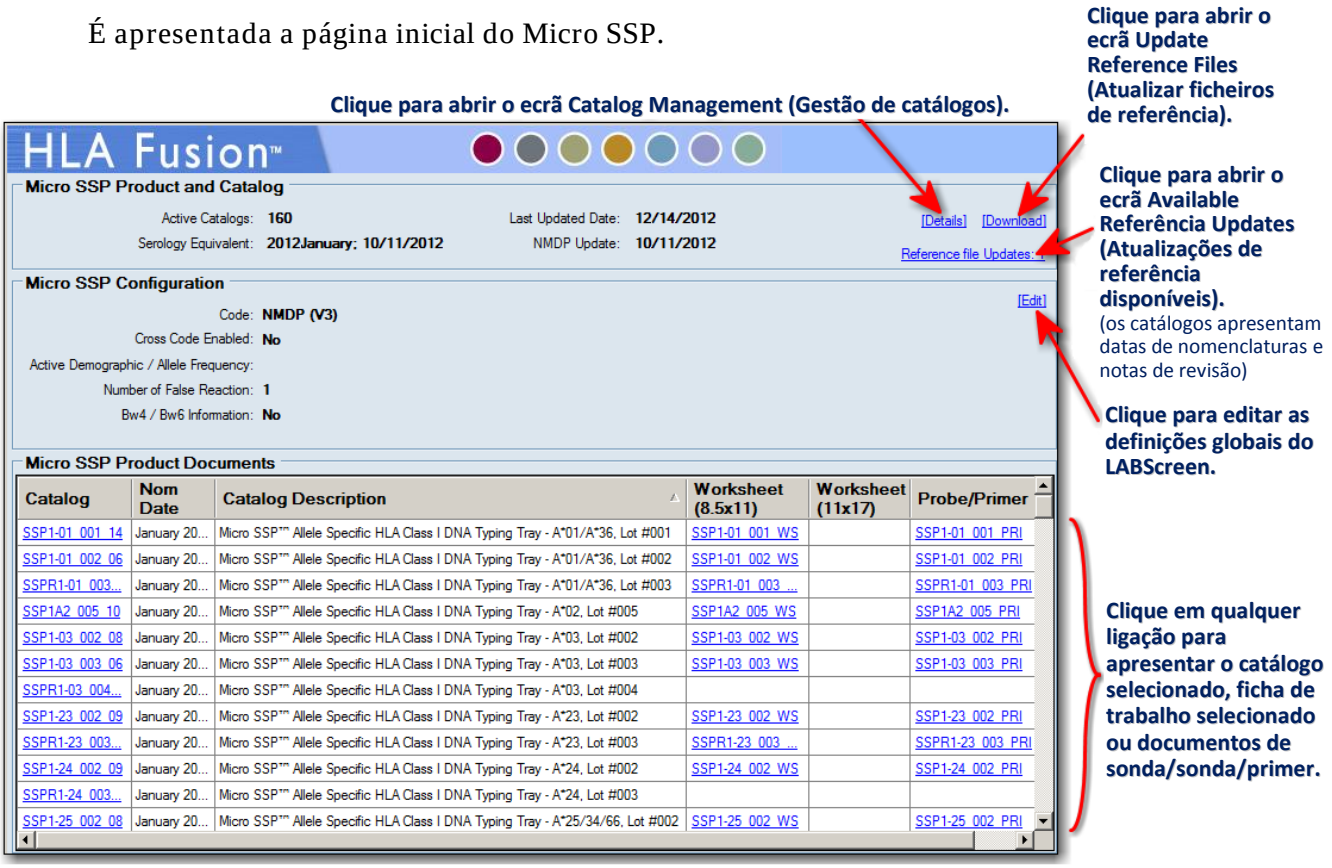
- Certifique-se de que possui os ficheiros de catálogo mais recentes, bem como o código NMDP, o código local (se utilizado) ou os ficheiros de referência de equivalentes a serologia antes da análise. Poderá transferir ou atualizar catálogos na página inicial do Micro SSP.
- Visualize e modifique as definições globais de configuração do produto antes de iniciar a análise. As definições globais são apresentadas e podem ser modificadas na página inicial do Micro SSP. As definições globais aplicam-se a todas as sessões recém-importadas.
- A predefinição do HLA Fusion é passar automaticamente para a amostra seguinte depois de guardar ou confirmar uma amostra. Se preferir continuar numa amostra, proceda à alteração na secção General Configurations (Configurações gerais) da página inicial do Explorador do Fusion.

**Nota:** Algumas das tarefas acima requerem privilégios de utilizador supervisor. Poderá ter de verificar junto do seu supervisor se estas tarefas foram concluídas.

# Iniciar a análise Micro SSP

1. Clique no botão **Micro SSP**  no painel da página inicial, no ícone Micro SSP da barra de ferramentas do Fusion ou selecione **Analyze Data > Micro SSP** (Analisar dados > Micro SSP).

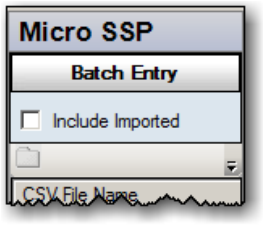
   É apresentada a página inicial do Micro SSP.


Clique para abrir o ecrã Catalog Management (Gestão de catálogos).
Clique para abrir o ecrã Update Reference Files (Atualizar ficheiros de referência).
Clique para abrir o ecrã Available Referência Updates (Atualizações de referência disponíveis).
(os catálogos apresentam datas de nomenclaturas e notas de revisão)
Clique para editar as definições globais do LABScreen.
Clique em qualquer ligação para apresentar o catálogo selecionado, ficha de trabalho selecionado ou documentos de sonda/sonda/primer.
HLA Fusion™
Micro SSP Product and Catalog
Active Catalogs: 160
Last Updated Date: 12/14/2012
Serology Equivalent: 2012January; 10/11/2012
NMDP Update: 10/11/2012
[Details] [Download]
Reference file Updates:
Micro SSP Configuration
[Edit]
Code: NMDP (V3)
Cross Code Enabled: No
Active Demographic / Allele Frequency:
Number of False Reaction: 1
Bw4 / Bw6 Information: No
Micro SSP Product Documents
Catalog | Nom Date | Catalog Description | Worksheet (8.5x11) | Worksheet (11x17) | Probe/Primer
SSP1-01_001_14 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*01/A*36, Lot #001 | SSP1-01_001_WS | | SSP1-01_001_PRI
SSP1-01_002_06 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*01/A*36, Lot #002 | SSP1-01_002_WS | | SSP1-01_002_PRI
SSPR1-01_003... | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*01/A*36, Lot #003 | SSPR1-01_003_... | | SSPR1-01_003_PRI
SSP1A2_005_10 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*02, Lot #005 | SSP1A2_005_WS | | SSP1A2_005_PRI
SSP1-03_002_08 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*03, Lot #002 | SSP1-03_002_WS | | SSP1-03_002_PRI
SSP1-03_003_06 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*03, Lot #003 | SSP1-03_003_WS | | SSP1-03_003_PRI
SSPR1-03_004... | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*03, Lot #004 | | | |
SSP1-23_002_09 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*23, Lot #002 | SSP1-23_002_WS | | SSP1-23_002_PRI
SSPR1-23_003... | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*23, Lot #003 | SSPR1-23_003_... | | SSPR1-23_003_PRI
SSP1-24_002_09 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*24, Lot #002 | SSP1-24_002_WS | | SSP1-24_002_PRI
SSPR1-24_003... | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*24, Lot #003 | | | |
SSP1-25_002_08 | January 20... | Micro SSP™ Allele Specific HLA Class I DNA Typing Tray - A*25/34/66, Lot #002 | SSP1-25_002_WS | | SSP1-25_002_PRI

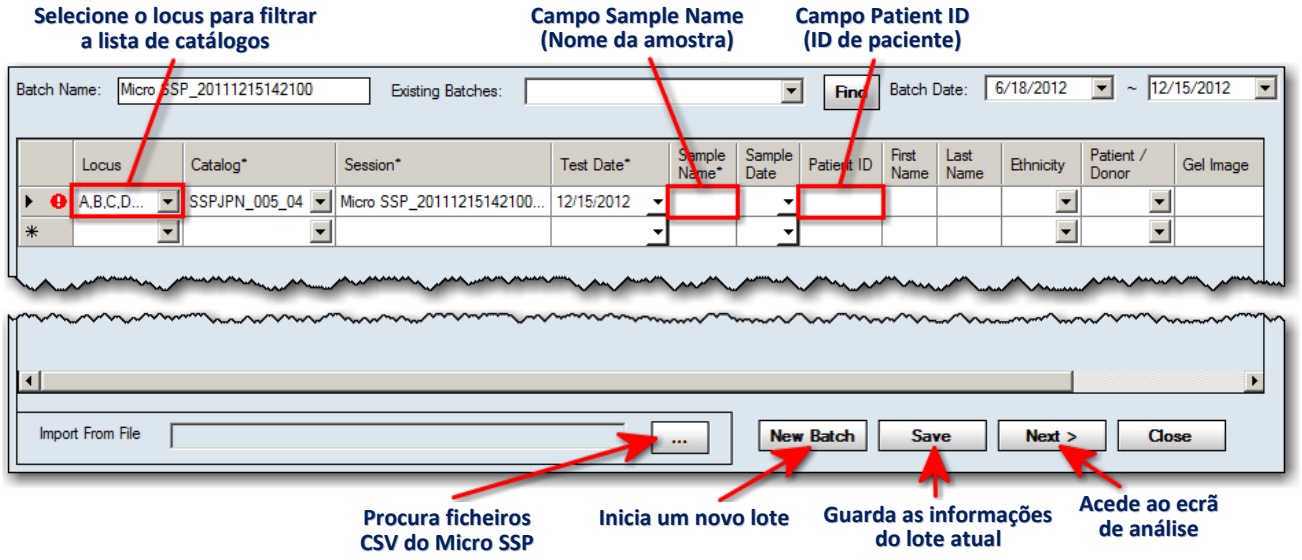
**Nota:** Abra as fichas de trabalho e as fichas de sonda/primer para verificar a exatidão dos números de revisão (estes documentos não contêm um número de revisão no respetivo nome de ficheiro).

1. Comece por clicar no botão **Batch Entry** (Introdução de lote) no canto superior esquerdo do ecrã.

   Coloque uma marca de verificação ✔ junto a **Include Imported** (Incluir importados) se também pretender incluir lotes anteriormente importados.




É apresentada a janela **Batch Entry** (Introdução de lote).




O sistema atribui um Batch Name (Nome do lote) automaticamente. Opcionalmente, pode alterar o nome.

**Nota:** Um lote deve ser exclusivo na base de dados do Fusion para cada tipo de produto. Se já existir, o software pede-lhe que altere o nome do lote. Recomenda-se vivamente que não utilize caracteres especiais neste campo, uma vez que podem desempenhar uma função específica enquanto separadores de campo.

2. Utilize o botão de procura (**...**) na parte inferior da janela para procurar e importar um ou mais ficheiros .csv do Micro SSP *ou* siga os passos abaixo.
3. Utilize o menu pendente no campo **Locus Filter** (Filtro de locus) para selecionar um locus como filtro da listagem de catálogos. Esta ação limitará a lista de catálogos no campo seguinte a apenas os catálogos que incluam o locus selecionado.
4. Utilize o menu pendente no campo **Catalog** (Catálogo) para selecionar um ficheiro de catálogo.

**Nota:** Se necessitar de importar mais catálogos, clique na ligação **Download** (Transferir) a página inicial do Micro SSP para obter instruções sobre como adicionar novos ficheiros de catálogo à base de dados.

A lista pendente de catálogos pode não ser imediatamente atualizada se tiver transferido os catálogos durante esta sessão de importação. Pode ser necessário clicar no botão **Home** (Início) e, em seguida, clicar novamente no botão **Micro SSP** para voltar ao processo de importação.

5. Aceite o nome da sessão no campo **Session** (Sessão) ou modifique-o.
6. Introduza um nome no campo **Sample Name** (Nome da amostra). Se se tratar de um nome de amostra existente, outros campos, como Patient ID (ID de paciente) e Ethnicity (Etnia), são preenchidos com os dados existentes. Também pode clicar duas vezes no campo Sample Name (Nome da amostra) para apresentar a janela Select Sample (Selecionar amostra), na qual pode selecionar uma amostra.

7. Clique na seta pendente no campo **Sample Date** (Data de amostra) e selecione uma data. É apresentada a janela de análise para esta sessão.

8. Introduza uma ID no campo **Patient ID** (ID de paciente). Se se tratar de uma ID de paciente/dador existente, outros campos, como First Name (Primeiro nome), Last Name (Último nome) e Ethnicity (Etnia), são preenchidos com os dados existentes. Também pode clicar duas vezes no campo Patient ID (ID de paciente) para apresentar a janela Select Patient (Selecionar paciente), na qual pode procurar e selecionar uma ID de paciente.

   Se ainda não tiverem sido preenchidos, pode introduzir um nome para o paciente ou dador nos campos **First Name** (Primeiro nome) e **Last Name** (Último nome).

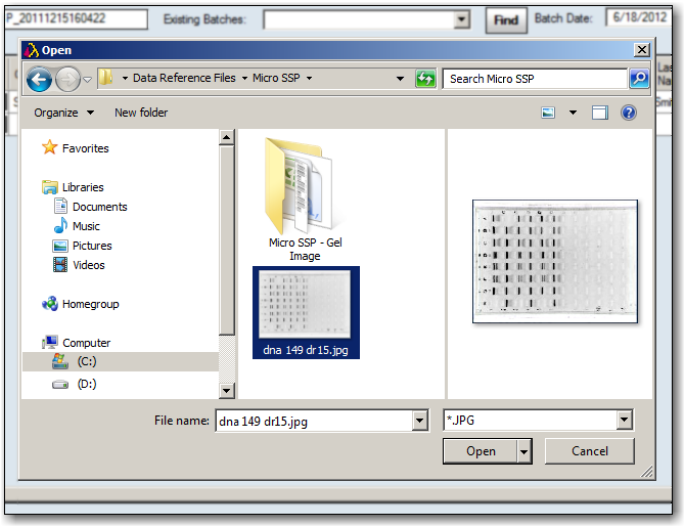
9. Se ainda não tiver sido preenchida, clique na seta pendente no campo **Ethnicity** (Etnia) para selecionar a etnia do paciente/dador.

10. Se ainda não tiver sido preenchida, clique na seta pendente no campo Patient/Donor (Paciente/Dador) para selecionar a opção paciente, dador ou ambos.

11. Se pretender associar uma imagem de gel à amostra, clique duas vezes no campo **Gel Image** (Imagem de gel) e procure a localização da imagem que pretende adicionar à amostra.

**Nota:** O Fusion suporta os formatos de imagem BMP, JPG, BMP e TIF. No entanto, determinadas versões do formato TIF podem não ser suportadas pela versão do Windows utilizada no computador.

**Navegador de seleção de imagem de gel**




- Repita os passos acima até preencher as informações do lote ou até pretender guardar para concluir o lote mais tarde. Cada sessão de lote Micro SSP pode consistir em tantas amostras quantas pretenda analisar com informações de catálogo idênticas ou diferentes.

Realize uma das seguintes ações quando estiver pronto para parar de criar o lote:

- Clique no botão **Next >** Next > (Seguinte >) para abrir a janela de análise Micro SSP.
- Clique no botão **Save** Save (Guardar) para guardar as informações do lote atual e voltar mais tarde.
- Clique em **New Batch** (Novo lote) para iniciar a criação de um novo lote.
- Clique em **Close** Close (Fechar) para sair da janela **Batch Entry** (Introdução de lote).

# Configurar a análise de dados Micro SSP

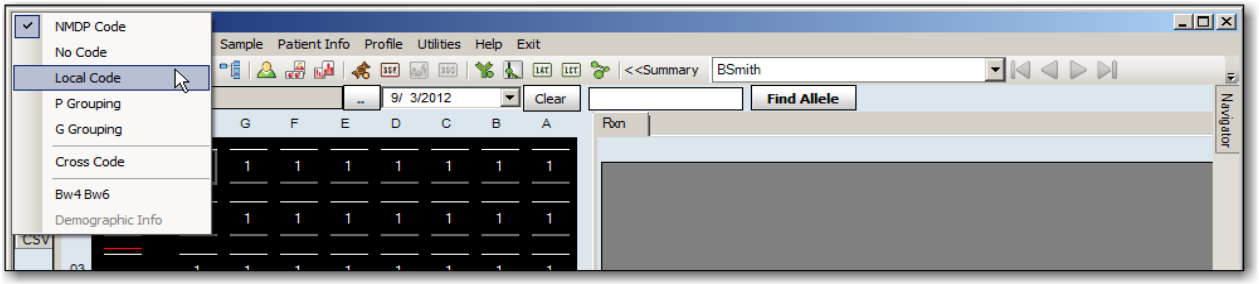
As predefinições globais das configurações do produto Micro SSP podem ser definidas em dois locais:

- A **página inicial do Micro SSP**
- O menu **Utilities** (Acessórios) no ecrã inicial do HLA Fusion.

Além disso, as configurações também podem ser definidas *dentro da janela de análise* para a amostra Micro SSP atual ao **clicar com o botão direito do rato** em qualquer ponto da janela de análise para visualizar uma lista de contexto das opções de configuração.

Depois de iniciada uma análise, é necessário clicar com o botão direito do rato na área imediatamente à direita do botão **Find Allele** Find Allele (Localizar alelo) para abrir o menu de configuração do Micro SSP.

Menu de configuração do nível de amostra do Micro SSP




### Atribuir código

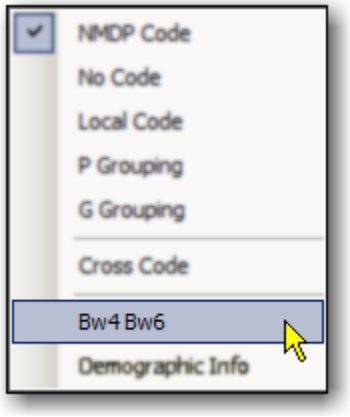
Por defeito, o sistema atribui códigos NMDP aos alelos. No entanto, o utilizador pode alterar estes códigos para uma das seguintes opções:

- **No Code** (Sem código) - Os pares de alelos resultantes, combinados numa cadeia sem código formatado, são simplesmente condensados sem aplicar um formato codificado.
- **P Grouping** (Agrupamento P) - Codifica as cadeias de alelos no agrupamento P conforme publicado pela IMGT.
- **G Grouping** (Agrupamento G) - Codifica as cadeias de alelos no agrupamento G conforme publicado pela IMGT.
- **Local Code** (Código local) - Atribui definições de códigos definidas pelo utilizador (código utilizado pelo seu laboratório) para os resultados de códigos sugeridos.

- **Cross Code** (Código transversal) - Permite combinações de alelos transversais aos grupos serológicos (por ex.,**`EAPW = DRB1*04:01/33/35/38/72/76`**). Por defeito, a codificação transversal está desativada, pelo que os pares de alelos são condensados apenas dentro dos mesmos grupos de alelos.

- **Bw4/Bw6 em serologia**

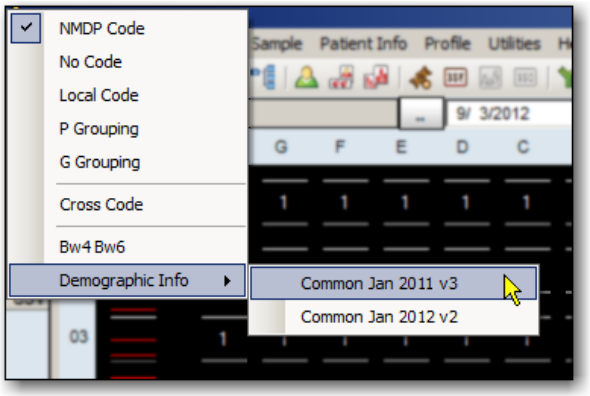
### Bw4/Bw6 em serologia




A serologia identificou vários pares de alelos HLA-B que parecem diferir apenas na região Bw4/Bw6 - os dois epítopos serológicos mutuamente exclusivos.

Se selecionar esta opção, Bw4/Bw6 é adicionado aos resultados de serologia.

### Dados demográficos




A opção **Demographic Information** (Dados demográficos) permite organizar os alelos com base na sua frequência.

Com base na seleção demográfica efetuada, o HLA Fusion apresenta um máximo de três grupos na lista de pares de alelos:

- **Grupo 1:** Frequente em ambos os alelos
- **Grupo 2:** Frequente apenas num ou no outro alelo
- **Grupo 3:** Frequente em nenhum dos alelos

Se a opção Demographic Information (Dados demográficos) não estiver ativa, é necessário importar um ficheiro de introdução da frequência dos alelos.

# Utilizar a janela de análise Micro SSP

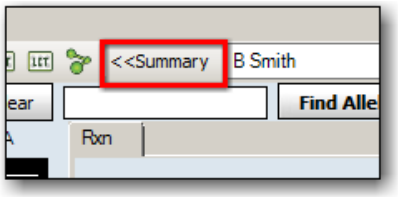
A janela de análise apresenta informações de análise detalhadas para cada amostra na sessão. Pode rever, modificar e aceitar as atribuições de alelos sugeridas pelo programa.

O HLA Fusion sugere resultados de tipologia possíveis, mas cabe-lhe a si realizar a atribuição final. Quaisquer ajustes efetuados na janela de análise são específicos da amostra e afetam apenas a amostra atual.

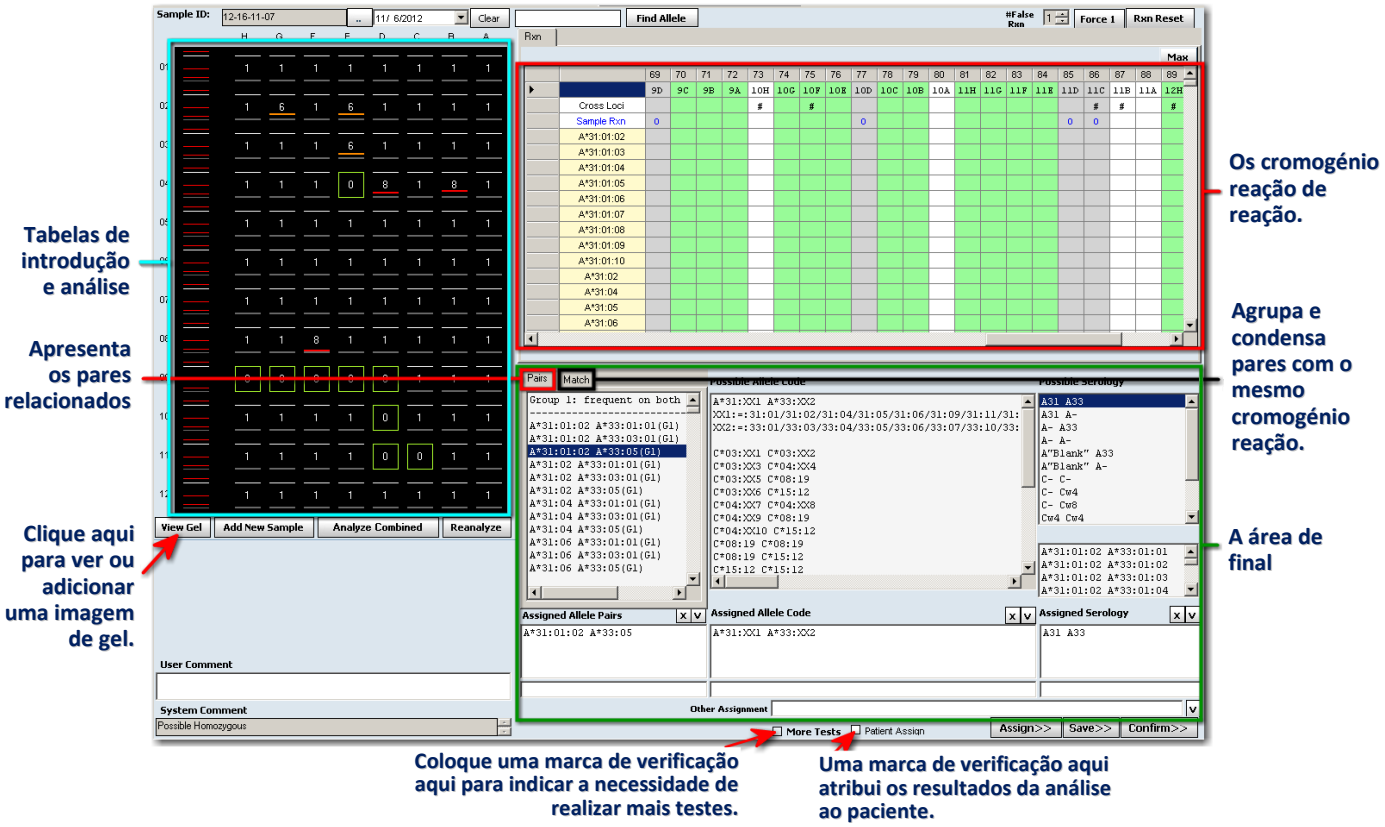
Na janela de análise, pode fazer o seguinte:

- Utilizar o painel de gel de teste para alterar as reações e as posições das linhas de amostra.
- Alterar o número permitido de falsas reações.
- Forçar uma reação falsa.
- Visualizar e imprimir resultados de análise de amostras.
- Adicionar comentários e marcar para mais testes.

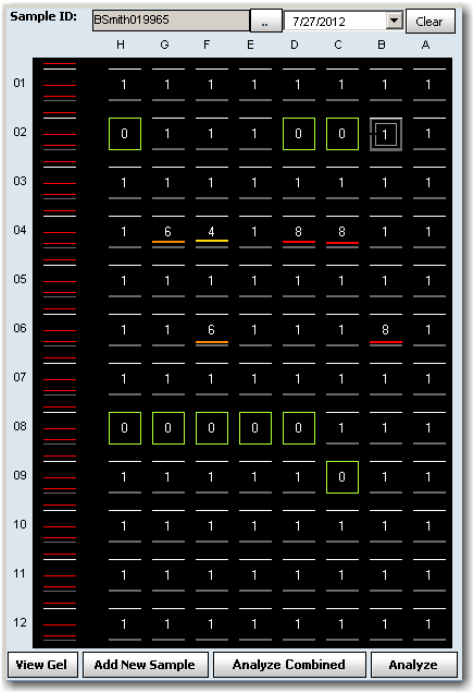
Pode voltar a um resumo da sessão a partir da janela de análise em qualquer altura clicando na ligação **<<Summary** (<<Resumo) na barra de ferramentas do HLA Fusion junto a Sample ID (ID de amostra).



**Ecrã de análise MicroSSP**




## Painel de gel de teste

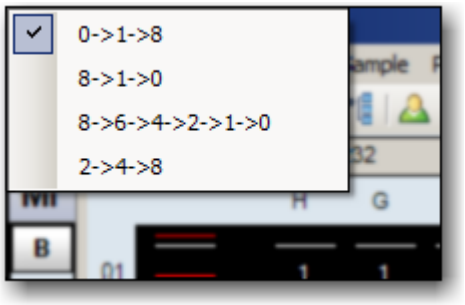



O painel do lado esquerdo da janela apresenta cada poço do teste nas linhas destinadas a duplicar o gel de teste. Cada poço é apresentado com um botão de reação.

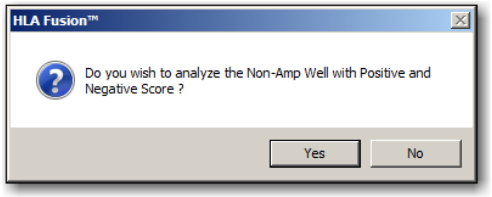
Se clicar ou introduzir através do teclado, pode modificar a reação para o poço selecionado dentro das seguintes definições:

- **8** = reação positiva
- **1** = reação negativa
- **0** = sem amplificação nítida (os poços com um **0** serão excluídos da análise)

**Nota:** Se clicar com o botão direito do rato na área preta do painel de gel de teste, pode selecionar uma ordem diferente para as reações ao clicar num poço: 0->1->8 ou 8->1->0, etc.

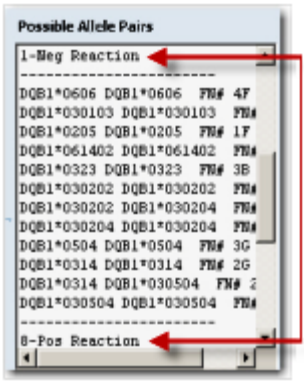



- Depois de analisar um tabuleiro, não é possível adicionar mais informações da amostra a esse tabuleiro.
- Se a amostra não tiver sido analisada, o botão no extremo direito da parte inferior deste painel estará identificado como **Analyze** (Analisar). Se já existir uma análise para a amostra, o botão estará identificado como **Re-Analyze** (Reanalisar).
- Este botão é ativado apenas quando tiver sido introduzida uma ID de amostra. Se não tiver sido introduzida uma ID de amostra ao clicar neste botão, a ID de amostra é sinalizada com um "**!**" como estando vazia e não é realizada qualquer análise.
- Se a reação de outro poço além do primeiro (1H) for definida como zero (0), é apresentada uma mensagem que lhe permite ver informações sobre a reação sugeridas pelo sistema para o ajudar a decidir se pretende analisar o poço não amplificado com uma classificação positiva ou negativa. Se mais do que um poço for definido como zero, a mensagem não é apresentada, mas as informações sobre a reação sugeridas podem ainda assim ser visualizadas.




Para ver as reações possíveis caso o poço tenha sido positivo ou negativo, clique em **Yes** (Sim) e percorra a lista **Possible Allele Pairs** (Possíveis pares de alelos) até aos cabeçalhos **Neg Reaction** (Reação negativa) e **Pos Reaction** (Reação positiva). Se não for possível sugerir nenhum dos tipos de resultado, o cabeçalho é **No Solution** (Sem solução) e não será seguido de resultados.

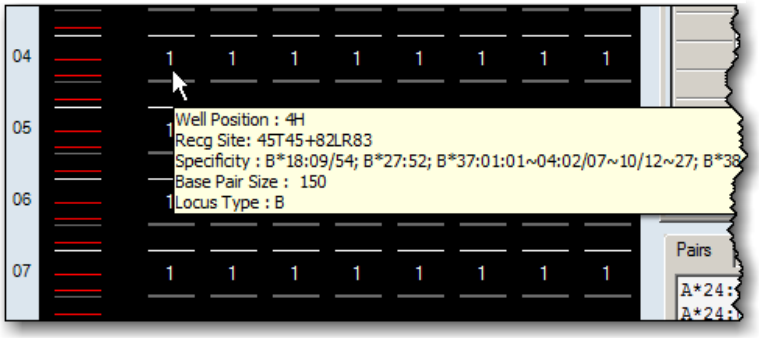
**Resultados possíveis para um poço não amplificado**


Possible Allele Pairs
1-Neg Reaction
8-Pos Reaction
Cabeçalhos a procurar ao visualizar resultados possíveis de poços não amplificados.

## Visualizar os detalhes do poço

Pode visualizar detalhes exaustivos sobre a amostra atual ao passar o cursor sobre um poço na área geral de gel de teste da janela de análise.

**Visualizar os detalhes do poço** (com o cursor do rato sobre um poço)

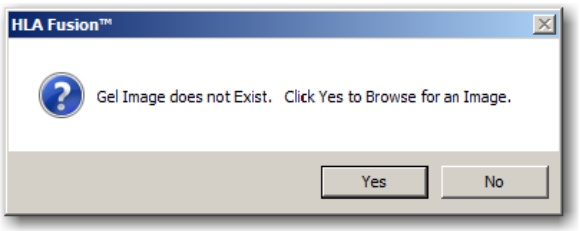



## Trabalhar com imagens de gel

- Se tiver uma imagem de gel já associada à amostra atual, pode **visualizá-la** ou **desassociá-la**.

*OU*

- Pode procurar e **associar** outra imagem de gel à amostra atual.

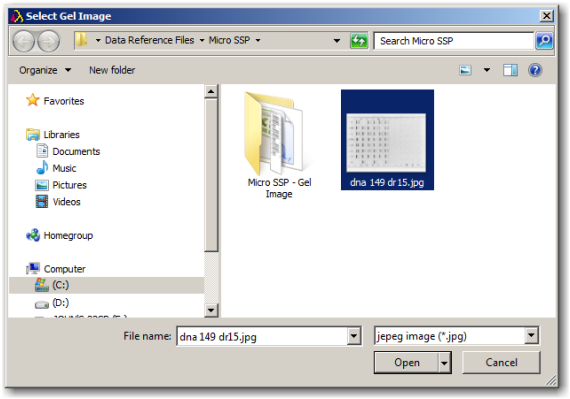


Eis como pode associar uma imagem de gel à amostra atual:

1. Clique no botão **View Gel** [View Gel] (Ver gel) no canto inferior esquerdo do ecrã de imagens de gel. Se não estiver atualmente associada qualquer imagem a esta amostra, verá a seguinte mensagem:

2. Clique no botão **Yes** (Sim) e o Fusion abre o ecrã **Select Gel Image** (Selecionar imagem de gel).

3. Procure uma nova imagem de gel e clique no botão **Open** [Open] (Abrir).

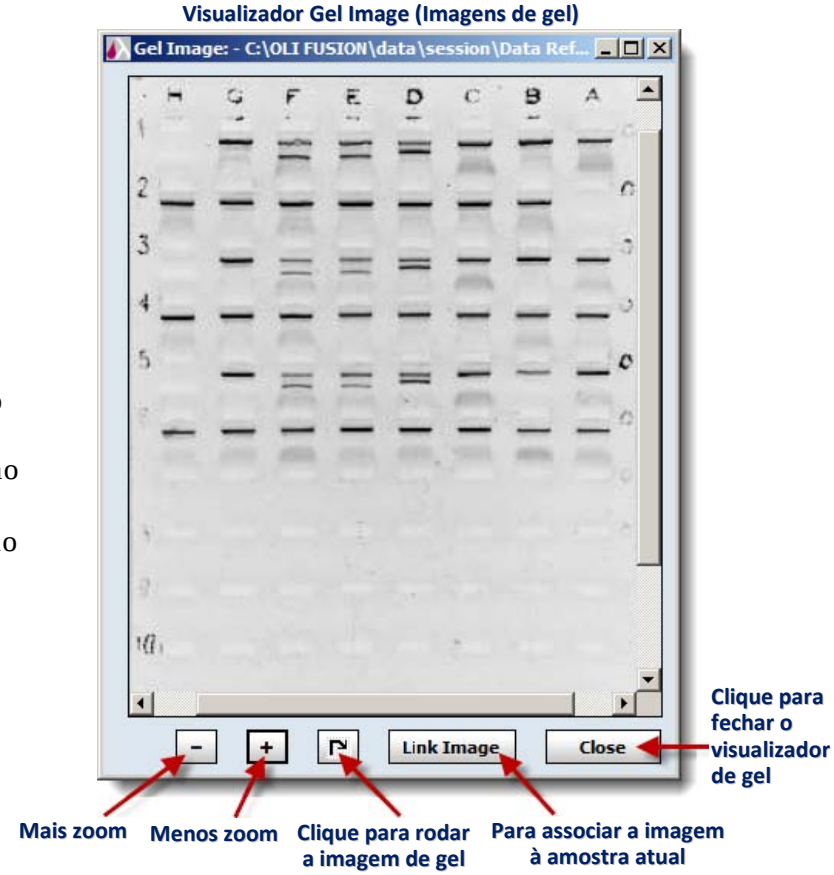



4. O Fusion abre a janela **Gel Image** (Imagem de gel) e apresenta a imagem de gel que selecionou. Se necessário, a janela pode ser redimensionada.

Se pretender associar esta imagem a esta amostra, clique no botão **Link Image** [Link Image] (Associar imagem).

- Para ampliar (mais zoom), clique no botão **+**.
- Para reduzir (menos zoom), clique no botão **-**.
- Para rodar a imagem, clique no botão **Rotate** [↻] (Excluir antigénio).

**Visualizador Gel Image (Imagens de gel)**



Para **desassociar** uma imagem já associada à amostra atual:

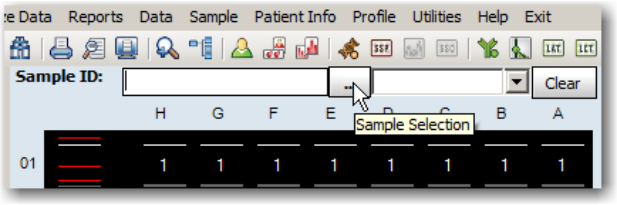
1. Clique no botão **View Gel** [View Gel] (Ver gel).

2. Quando a imagem for apresentada no visualizador **Gel Image** (Imagem de gel), clique no botão **Unlink** [UnLink] (Desassociar).

## Adicionar amostras

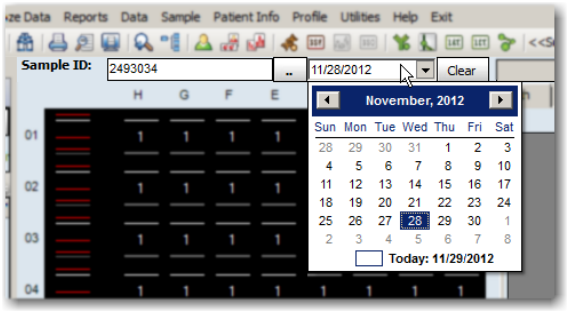
Existem dois métodos para adicionar e analisar amostras numa sessão:

1. Clique no botão **Add New Sample** [Add New Sample] (Adicionar nova amostra).




2. Introduza uma nova ID de amostra ou Nome de amostra no campo **Sample ID** (ID de amostra) (acima da imagem de gel).

3. Selecione a **Sample Date** (Data de amostra) clicando na **seta para baixo▼**no campo **Date** (Data) à direita do campo Sample ID (ID de amostra).

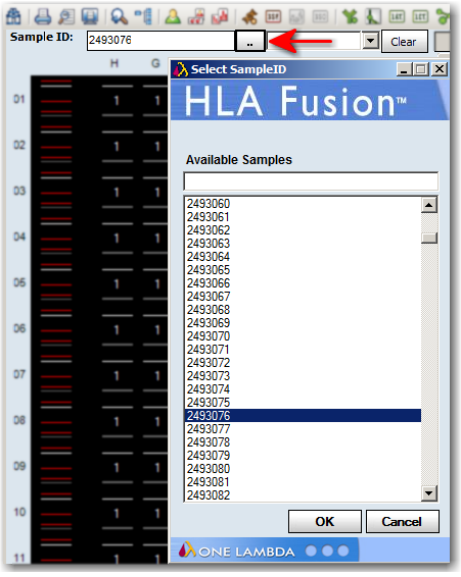



4. Em seguida, clique no botão **Analyze** [Analyze] (Analisar).

***OU***

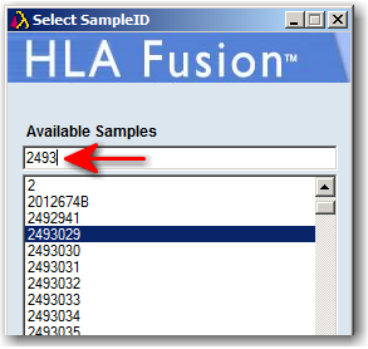
Eis um método alternativo para adicionar <u>amostras</u> <u>existentes</u> para análise no Micro SSP:

1. Clique no botão **Sample Selection** (Seleção de amostra) à direita do campo Sample ID (ID de amostra).




Selecione uma amostra existente na lista **Available Samples** (Amostras disponíveis).

Pode utilizar a caixa de texto na parte superior como ferramenta de pesquisa.



2. Clique no botão **OK** na parte inferior desta janela para mover a amostra na lista Available Samples (Amostras disponíveis) para a caixa de texto Sample ID (ID de amostra) acima do visualizador de imagens de gel. Pode utilizar o Nome de amostra existente ou criar um novo.

3. Selecione/crie uma **Sample Date** (Data de amostra).

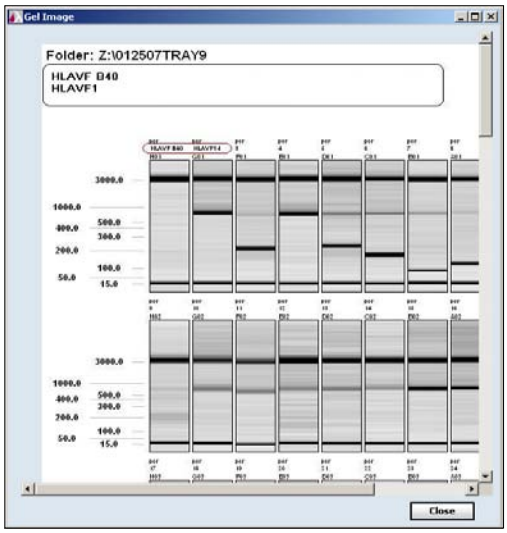
4. Clique no botão **Analyze** (Analisar).



## View Gel (Ver gel)

Na janela de análise de serologia, pode visualizar o gel para a amostra atual. Esta ferramenta localiza o ficheiro de gel (formato JPEG) associado ao ficheiro de dados CSV e apresenta-o na janela de análise.

1. Clique no botão **View Gel** (Ver gel). É apresentada uma imagem do gel para a amostra atual numa nova janela.




2. Clique no botão **Close** (Fechar) ou em **X** para fechar o gel.

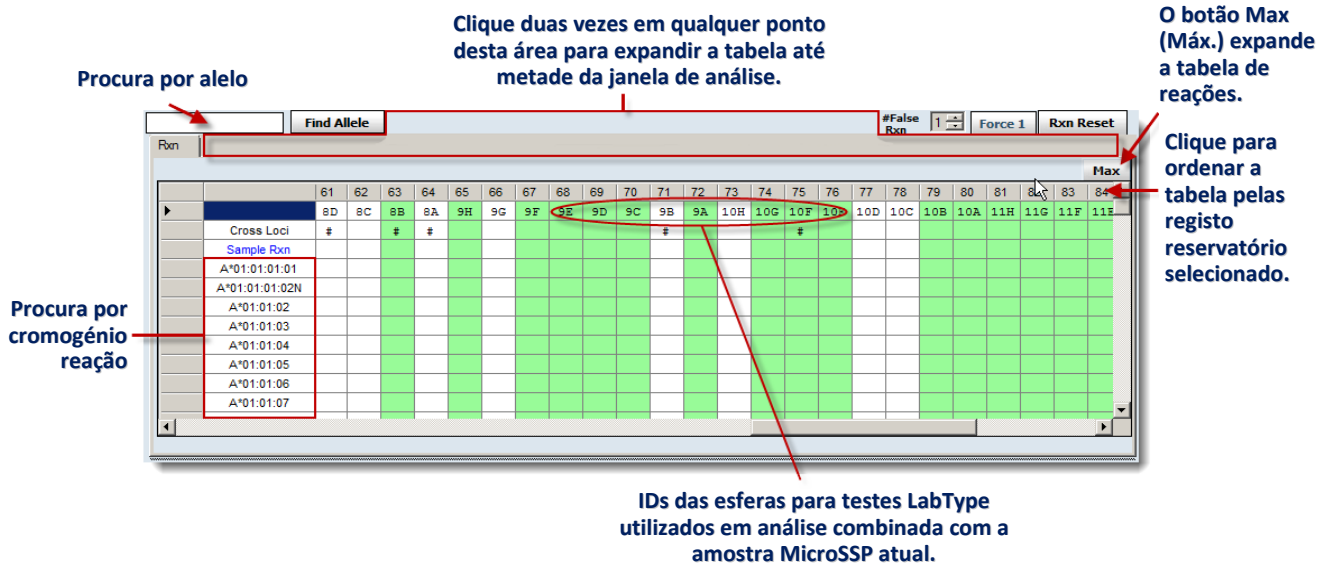
## Modificar a posição de início da sessão

Para tabuleiros multi-teste, pode ignorar posições do tabuleiro de forma a corresponder às suas fotografias de gel ao clicar no botão **Add New Sample** (Adicionar nova amostra) até ser apresentada a posição correta para o início do teste.

## Separador Rxn (Reação)

A tabela de padrões de reação apresenta as reações positivas para cada poço ou esfera se estiverem combinadas com LABType (eixo x) versus cada alelo (eixo y) definido no catálogo atual.

- A Tabela de padrões de reação é apresentada no painel direito da janela de análise Micro SSP.




Configuração predefinida:

- Os poços (esferas se se tratar de uma análise combinada com LABType) são ordenados por reação da amostra.
- A ID do poço depende da linha e localização da amostra no painel de gel de teste.
- A amostra atual é apresentada com texto a **azul**, imediatamente abaixo da linha de loci cruzados.
- Os alelos positivos são listados abaixo da linha de amostras e realçados a amarelo.
- Os poços de loci cruzados estão identificados com o símbolo de cardinal (**#**).
- A cor **salmão** indica um falso positivo. A cor **verde** indica um falso negativo.

| | |
|---|---|
| ① | As reações positivas são apresentadas como um "**X**" na tabela (**azul** para a amostra atual e **preto** para as restantes). PC, NC e as esferas excluídas são apresentados como "**0**" na tabela. |
| ② | Se pretender expandir a tabela para o tamanho de janela inteira, clique no botão Max. Para voltar a minimizar, clique no botão Min. |
| ③ | Clique duas vezes na área imediatamente acima da tabela, entre os botões **Find Allele** (Localizar alelo) e **Max** (Máx.), para expandir a tabela até metade da janela de análise. Para repor o tamanho original da tabela, clique novamente duas vezes na mesma área. |
| ④ | Introduza um alelo no campo e clique no botão **Find Allele** (Localizar alelo) para apresentar o alelo e o respetivo padrão de reação na primeira linha. Clique duas vezes no nome de um alelo para o colocar no cimo da tabela. Pode colocar a totalidade de um determinado grupo de alelos no cimo introduzindo um grupo de alelos (por ex., DRB1*07). |
| ⑤ | Clique no cabeçalho da linha em branco à esquerda do nome do alelo ou da reação da amostra para mover todas as esferas com essa reação para a esquerda. Clique no botão **Rxn Reset** (Repor reação) (*acima do botão Max [Máx.]*) para repor a configuração original da tabela. |
| ⑥ | Ao clicar num cabeçalho de coluna, a tabela é ordenada pelos critérios de reação desse poço ou esfera (*se combinada com LABType*). O primeiro clique ordena por ordem ascendente, de cima para baixo. O segundo clique ordena por ordem descendente. |
| ⑦ | Se utilizar o botão **Analyze Combined** (Analisar combinado) na janela de análise para analisar um teste LABType e um teste Micro SSP, as IDs das esferas do teste LABType são apresentadas na linha de IDs dos poços na tabela Rxn (Reação). Estas são reconhecidas pela ID de esfera seguida de um underscore e um **0**. |

### Número de reações falsas permitidas

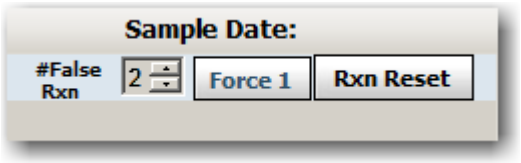
Se o HLA Fusion não conseguir determinar quaisquer resultados que correspondam exatamente ao padrão de reação introduzido, analisa a reação pressupondo que existe uma reação falsa na amostra.

Se continuar a não ser possível encontrar uma solução, o sistema continua a procurar nas reações falsas adicionais até atingir o número de reações falsas permitidas ou encontrar uma solução.

A definição de reação falsa permite definir o número de reações falsas permitidas:

Definição mínima = **0**

Definição máxima = **4**




- No campo **# False Rxn** (N.º reações falsas), clique na seta para cima ou para baixo para alterar o número de reações falsas permitidas.

**Nota:** Independentemente do máximo de reações falsas aqui definido, a análise de amostras para na primeira reação falsa encontrada.

### Forçar uma reação falsa

Quando uma amostra tem um resultado sem reações falsas (resultado de correspondência exata), a função **Force 1** (Forçar 1) obriga o HLA Fusion a reanalisar a reação de forma a permitir uma possível reação falsa em qualquer poço. Esta função é utilizada para procurar resultados que possam ser alterados por uma reação adicional.

1. Na janela de análise, clique no botão **Force 1** (Forçar 1) para obrigar o programa a analisar a amostra com uma reação falsa.

Clique no botão **Reanalyze**

(Reanalisar) para repor os resultados originais da análise.

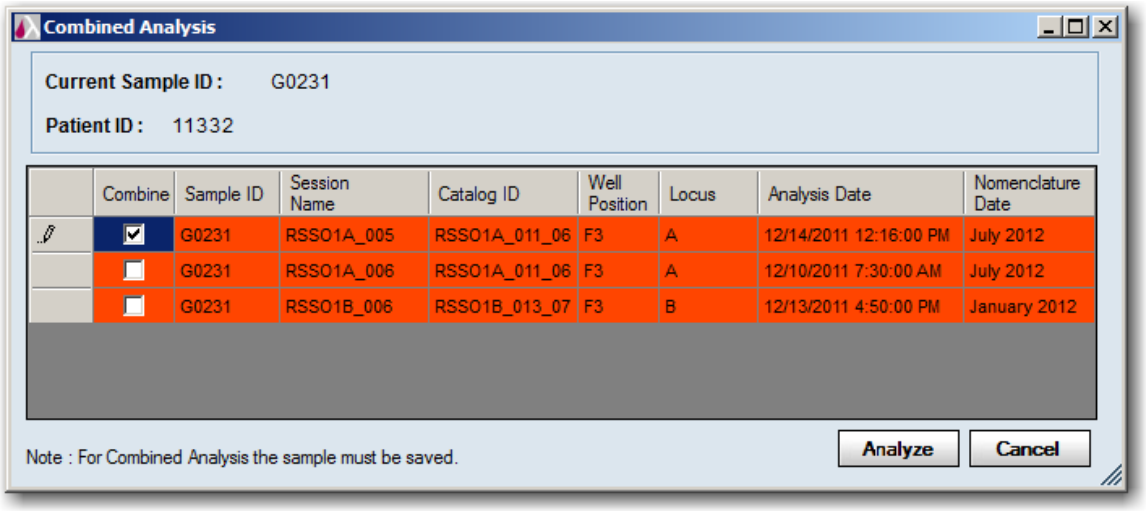
Clique no botão **Rxn Reset** (Repor reação) para repor as predefinições da tabela de padrões de reação.

# Análise Micro SSP combinada

O software HLA Fusion suporta uma função de análise combinada. Numa análise combinada, as reações de dois testes da mesma amostra são combinadas numa única análise. O teste anterior deve ter a mesma ID de amostra ou estar associado à mesma ID de paciente.

Para combinar os resultados de uma amostra, é necessário iniciar ou continuar um teste Micro SSP específico do alelo e ter uma sessão Micro SSP ou LABType anteriormente guardada para realizar a combinação. Depois de combinar as sessões, são apresentadas as atribuições de tipologia possíveis e a tabela de padrões de reação altera-se de forma a refletir o padrão de reação de ambos os testes.

1. Na janela de análise, clique no botão **Analyze Combined** (Analisar combinado) abaixo da tabela de padrões de reação. A janela **Combined Analysis** (Análise combinada) apresenta uma lista das sessões anteriores que utilizaram a amostra atual e partilham a mesma ID de amostra.




Selecione as sessões anteriores pretendidas ao selecionar as caixas de verificação **Combine** (Combinar) no extremo esquerdo.

Clique no botão **Analyze** (Analisar) na parte inferior da janela de contexto.



**Nota:** Se combinar uma amostra no formato de nomenclatura anterior com uma amostra no formato de nomenclatura mais recente, os pares de alelos e o código possíveis e atribuídos serão apresentados no novo formato. Se a amostra com o formato de nomenclatura anterior contiver um alelo que não esteja incluído na nova nomenclatura, esse alelo mais antigo é ignorado.

Para repetir a análise combinada, clique no botão **Reanalyze Combined** (Reanalisar combinado).

- Se as datas de nomenclatura entre a atual e as que estão a ser combinadas com ela entrarem em conflito, as sessões selecionadas são realçadas a **vermelho**.

- Se clicar no botão **Analyze**

(Analisar) e existir um conflito de datas de nomenclatura, é apresentada uma mensagem de aviso que permite optar entre continuar e cancelar a análise combinada. Se continuar, será utilizada a nomenclatura do teste de amostra selecionado para combinar com o atual.

**Nota:** Observe que o botão **Analyze Combined** (Analisar combinado) na janela de análises muda para o botão **Reanalyze Combined** (Reanalisar combinado). Trata-se de uma indicação de que as sessões selecionadas foram combinadas.Se as sessões estiverem combinadas, é adicionada uma nota à caixa de comentários do sistema.

# Realizar atribuições de tipologia na análise Micro SSP

O HLA Fusion permite atribuições de pares de alelos e codificações sugeridas pelo computador. As atribuições de tipologia finais só podem ser realizadas por si ou pelo seu supervisor.

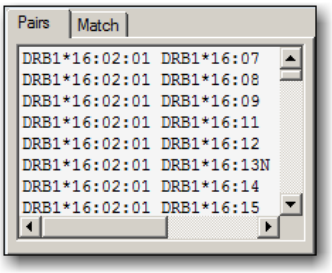
Na janela de análise, pode fazer o seguinte:

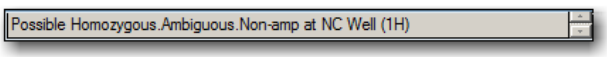
- Alternar entre formatos de código
- Aplicar Bw4/Bw6 a resultados serológicos
- Aplicar filtros de frequência
- Atribuir pares de alelos não codificados
- Atribuir um par de alelos codificado
- Atribuir equivalentes a serologia
- Realizar atribuições manuais
- Remover atribuições
- Guardar e confirmar atribuições

### Separador Pairs (Pares)

O separador **Pairs** (Pares) apresenta os resultados de possíveis pares de alelos que correspondem ao padrão de reação da amostra. Os pares são sugeridos pelo software.

- A lista identifica os pares e agrupa-os por pares de correspondência total (sem reações falsas) ou pelo número de reações falsas. Os resultados com reações falsas são listados com a identificação da esfera/poço responsável pela falsa reação.
- Os resultados apresentam um par de alelos por linha.
- Possíveis pares homozigóticos são sinalizados no campo **Comment** (Comentário).



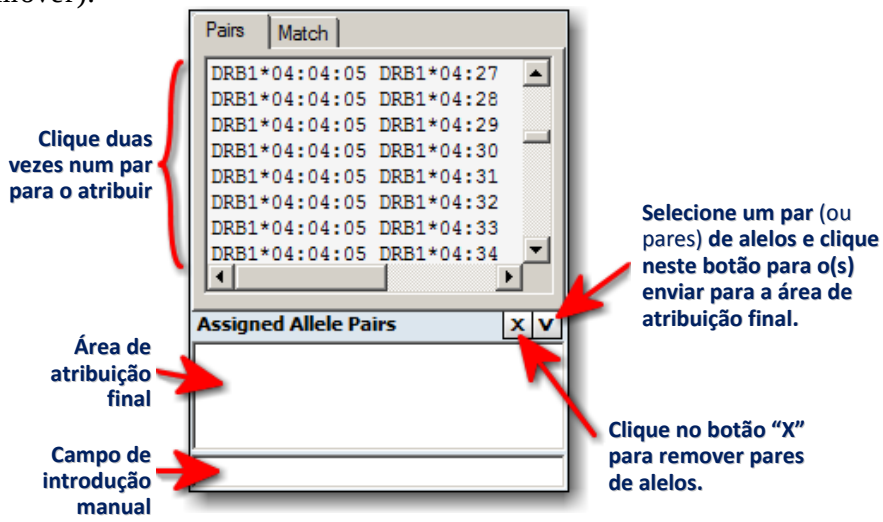



### Atribuir um par de alelos da lista sugerida

1. Clique duas vezes num par de alelos em **Possible Allele Pairs** (Possíveis pares de alelos) para o atribuir à área de atribuição final de pares.

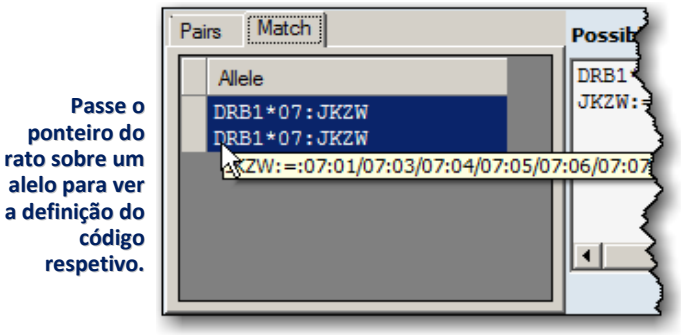
   Em alternativa, pode clicar para realçar um par de alelos na lista do separador **Pairs** (Pares) e clicar no botão **V** (atribuir) junto ao título **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos) para o adicionar à área de atribuição final.

Para remover uma atribuição, selecione-a na lista **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos) e clique no botão **X** (remover).




### Separador Match (Correspondência)

Esta grelha de dados apresenta o formato codificado dos pares de alelos reais da amostra. Um *par de reação correspondente* é um par de alelos (ou grupo de alelos) com um padrão de reação que apresenta uma correspondência total ao padrão de reação da amostra atual.



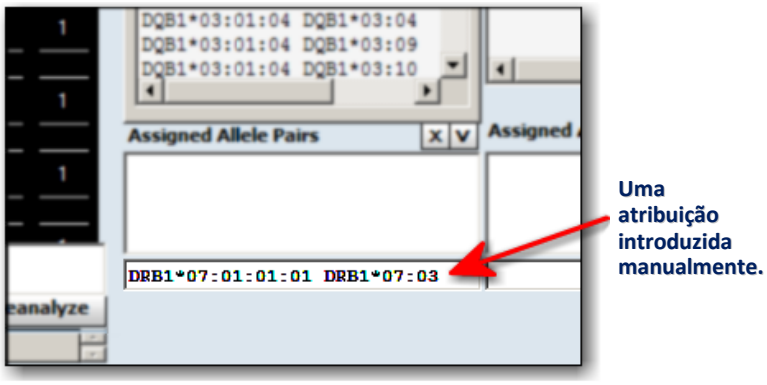

- Este resultado difere dos resultados de **Possible Allele Code** (Código de alelo possível). O **Possible Allele Code** (Código de alelo possível) condensa os resultados num único código sempre que possível.

- Ao passar o cursor sobre um formato de alelo codificado, é apresentada a definição do código respetivo.

### Atribuição manual de pares de alelos

1. Certifique-se de que introduz a atribuição com o formato de código de alelo correto:

   - Formato da nova nomenclatura: X*##:##(####) X*##:##(####), em que X=tipo de locus e #= número de código.
   - Formato da nomenclatura anterior: X*#### X*####, em que X=tipo de locus e #= número de código.

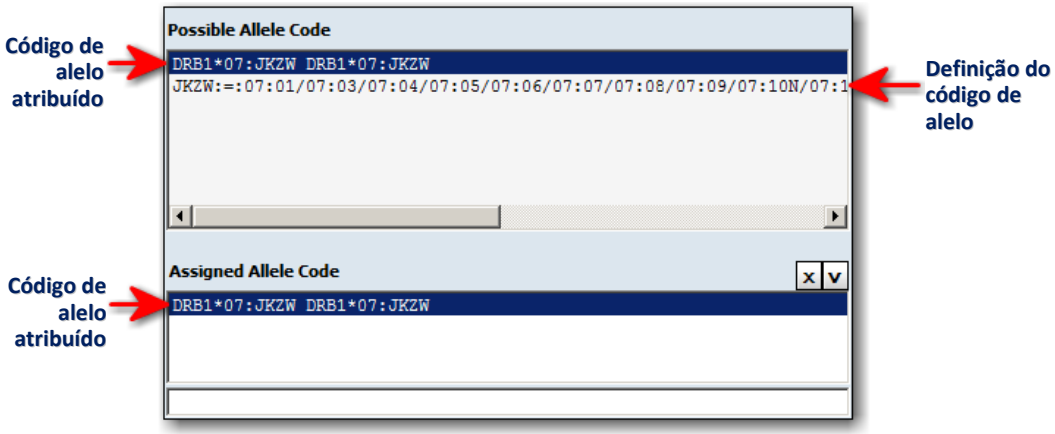



Introduza uma atribuição na caixa de texto diretamente abaixo da lista **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos).

Prima a tecla **Enter** no teclado para mover o alelo introduzido para cima, para dentro da caixa de texto **Assigned Allele Pairs** (Pares de alelos atribuídos).

### Códigos de alelos possíveis

O campo **Possible Allele Code** (Código de alelo possível) apresenta os resultados codificados possíveis para todos os resultados que correspondam totalmente à amostra. O tipo de código utilizado depende da seleção da sua configuração: código NMDP (predefinição), código local (definido pelo utilizador) ou sem código.



- O resultado codificado possível é listado na secção superior do campo. A definição do código é listada por baixo.
- Se não existirem códigos para uma determinada sugestão, esta é listada com XX, o que significa que o código é indefinido. Para várias sugestões XX, cada uma é numerada como XX1, XX2, etc. para as distinguir entre si.
- Os códigos de alelos apresentados no campo **Possible Allele Code** (Código de alelo possível) são condensados pelo Fusion com base nas sugestões da lista de pares de alelos possíveis apresentadas no separador **Pairs** (Pares).
- O código de alelo baseia-se no código NMDP atual ou no código local instalado no sistema. Por defeito, o sistema atribui os códigos NMDP aos alelos. Opcionalmente, pode alterar estes códigos para No Code (Sem código), Local Code (Código local) ou Cross Code (Código transversal).
- **No Solution** (Sem solução) é a indicação listada se não existirem resultados que correspondam às reações da amostra dentro do número de falsas reações permitidas.

### Atribuição de códigos de alelos

1. Clique duas vezes no código de alelo possível ou selecione o código sugerido e clique no botão **V** (atribuir).

Selecione um código de alelo e clique no botão **X** (remover) para remover uma atribuição de código de alelo.

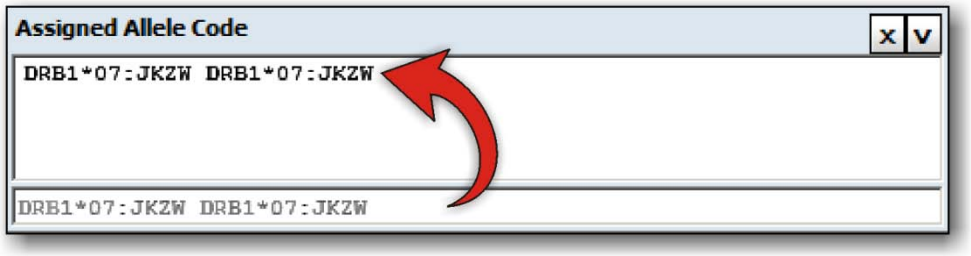
### Atribuição manual de códigos de alelos

1. Introduza uma atribuição no campo de texto imediatamente abaixo de **Assigned Allele Code** (Código de alelo atribuído). Certifique-se de que introduz a atribuição com o formato de código de alelo correto:
   - Formato da nova nomenclatura: X*##:##(####) X*##:##(####), em que X=tipo de locus e #= número de código.
   - Formato da nomenclatura anterior: X*#### X*####, em que X=tipo de locus e #= número de código.

   Caso contrário, o sistema não o aceita e pede-lhe para efetuar correções.

**Nota:** Se clicar no botão **Translate** (Traduzir) para apresentar alelos no formato da nova nomenclatura, não poderá introduzir manualmente um código de alelo, exceto se reanalisar a amostra e os alelos voltarem a ser apresentados no formato da nomenclatura anterior.

Prima a tecla **Enter** para mover o código de alelo que introduziu no campo **Assigned Allele Code** (Código de alelo atribuído).



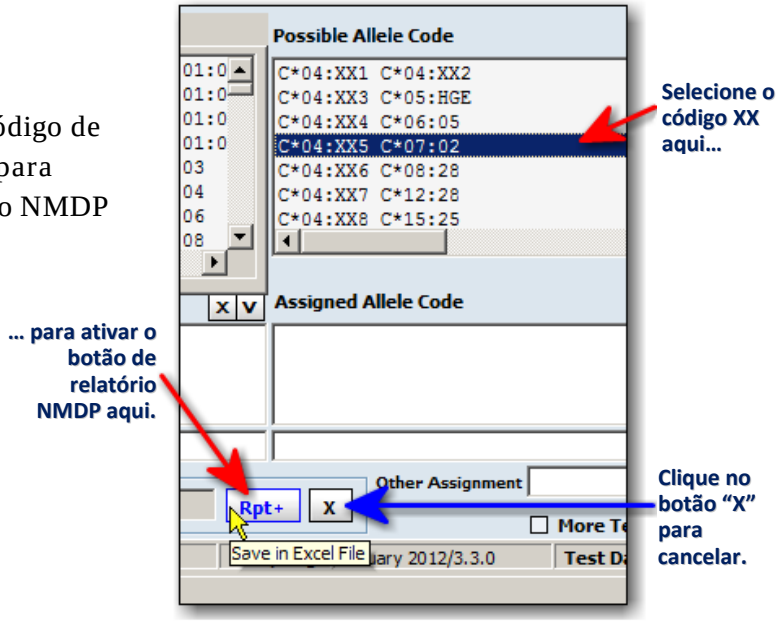

**Nota:** Se tiver um resultado homozigótico, o código atribuído pode ser editado no campo Manual Allele Code (Campo de alelo manual) para mostrar uma vez os resultados com código homozigótico.

### Códigos de alelos desconhecidos

Os códigos de alelos desconhecidos são assinalados com XX, seguido de um número sequencial. Os números são reiniciados em 1 para cada amostra e locus. Se vir códigos desconhecidos, primeiro, deve certificar-se de que importou o ficheiro de NMDP mais recente.

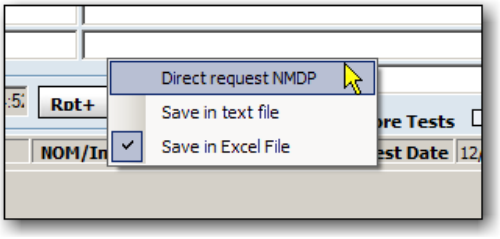
Se tiver o ficheiro de códigos mais recente e continuar a ver códigos XX, pode guardar estes desconhecidos para inclusão posterior no NMDP num ficheiro **.txt** com o nome **`nmdp_code_report.txt`**. Por defeito, o ficheiro de texto está guardado em **`C:\OLI Fusion\data\NMDPExport`**, mas a localização pode ser alterada modificando o caminho da *Interface*. As informações do código são incluídas no final deste ficheiro de texto à medida que são adicionadas; as adições mais recentes encontram-se no final.

1. No campo **Possible Allele Code** (Código de alelo possível), selecione o código **XX** para ativar os botões do Relatório de código NMDP na parte inferior do ecrã.



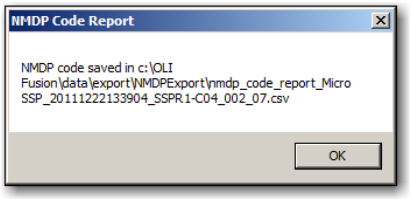
Clique com o botão direito do rato no botão **Report** Rpt+ (Relatório) e selecione uma das seguintes opções:

Para enviar as informações de códigos desconhecidos para o NMDP, selecione **Direct Request NMDP** (Encaminhar pedido de NMDP).




- Para adicionar as informações de códigos desconhecidos a um ficheiro de texto (por defeito, guardado em **`C:\OLI Fusion\data\NMDPExport`**), selecione **Save in text file** (Guardar em ficheiro de texto).

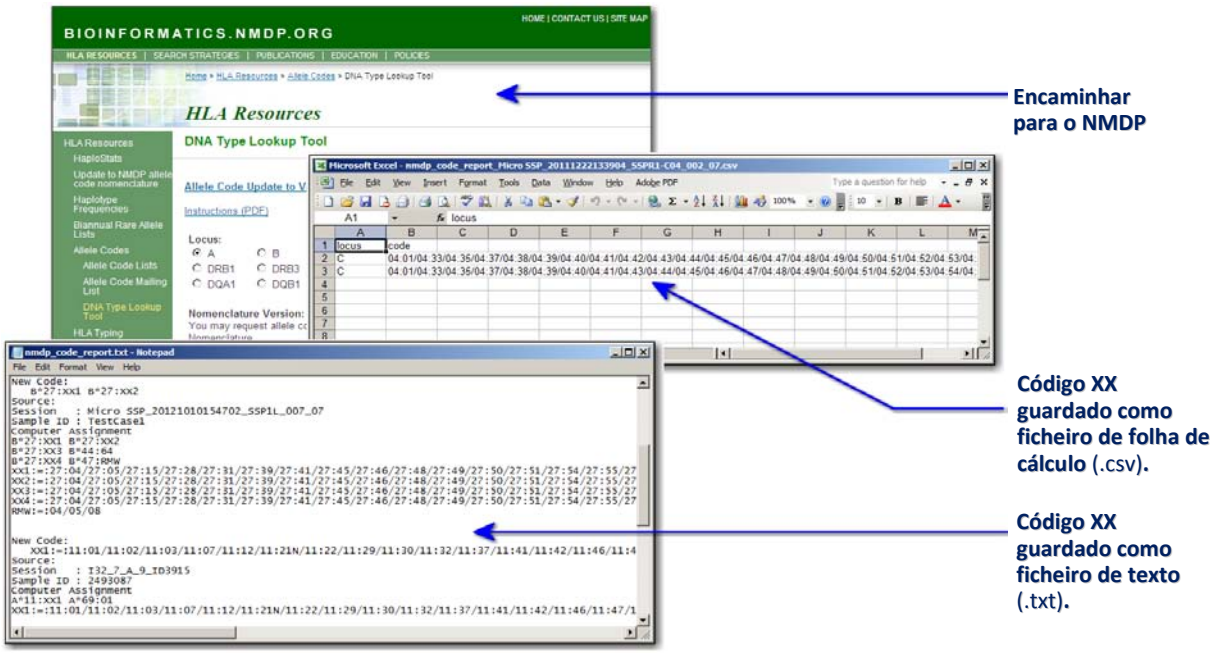
- Para adicionar as informações de códigos desconhecidos num ficheiro Excel (por defeito, guardado em **`C:\OLI Fusion\data\export\NMDPExport`**), selecione **Save in Excel File** (Guardar em ficheiro Excel) ou simplesmente clique com o botão esquerdo do rato.




Quando tiver terminado, clique no botão X para remover os botões do ecrã.

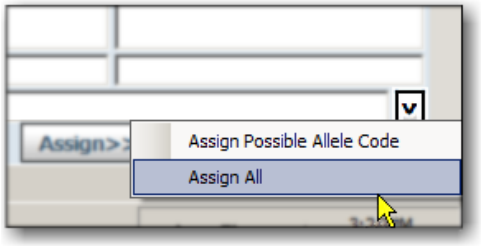
**Nota:** O botão **+Rpt** (+Relatório) guarda a última seleção efetuada (encaminhar, texto ou Excel) para que possa ser utilizada como atalho; a não ser que pretenda alterar a sua seleção, da próxima vez que incluir um código XX no relatório, basta clicar no botão **+Rpt**.

Seguem-se exemplos de cada resultado:


BIOINFORMATICS.NMDP.ORG
HLA Resources
DNA Type Lookup Tool
Encaminhar para o NMDP
Código XX guardado como ficheiro de folha de cálculo (.csv).
Código XX guardado como ficheiro de texto (.txt).

### Outra atribuição

O campo **Other Assignment** (Outra atribuição) pode ser utilizado para realizar uma atribuição simples que não esteja limitada a qualquer formato. Além disso, pode realçar e adicionar as atribuições de serologia, pares ou códigos de alelos ao campo para modificação.




Pode realizar outras atribuições de códigos segundo uma de duas formas:

- Introduza um par de alelos ou código de alelo no campo **Other Assignment** (Outra atribuição).
- Clique no botão **V** (atribuir) e selecione uma de duas opções:

  1. Para atribuir apenas o código de alelo possível, selecione **Assign Possible Allele Code** (Atribuir código de alelo possível).

  2. Selecione **Assign All** (Atribuir tudo) para inserir as atribuições de Código de alelo possível, Serologia ou Pares de alelos atribuídos no campo **Other Assignment** (Outra atribuição).

- Pode então optar por modificar qualquer parte do código copiado.
- O alelo introduzido é atribuído e incluído nos relatórios executados que incluam esta amostra.
- Não é listado em quaisquer campos de atribuição final para esta amostra.

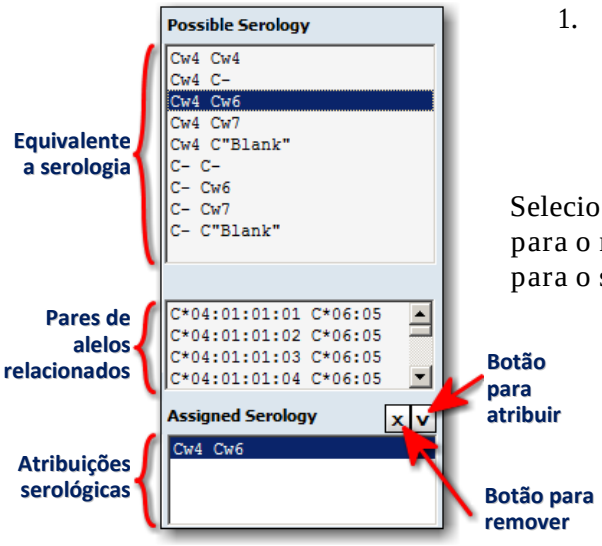
### Campo de serologia possível

O campo de equivalente a serologia apresenta todas as sugestões de equivalente a serologia para a amostra com base nos pares de alelos possíveis. Ao selecionar um equivalente a serologia apresentado, os pares de alelos que lhe estão associados são apresentados no campo abaixo.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Certifique-se de que importou o ficheiro atual de equivalentes a serologia através do menu Utilities (Acessórios). Se surgir um zero (0) nas atribuições de serologia, isso significa que é necessário importar o ficheiro atual de equivalentes a serologia. |

- Apenas pode ser realizada uma atribuição de equivalente a serologia para a amostra de cada vez. Assim, uma atribuição de serologia atual é substituída se selecionar e atribuir outra diferente.

**Nota:** Se se tratar de um teste com vários loci, pode ser atribuído mais do que um locus. No entanto, apenas um locus pode ser atribuído em testes com um único locus.




1. Clique duas vezes numa sugestão de serologia ou realce-a e clique no botão V (atribuir) para a copiar para o campo **Assigned Serology** (Serologia atribuída).

Selecione o equivalente a serologia e clique no botão **X** (remover) para o remover. Em alternativa, selecione e atribua um diferente para o substituir.

**Traduzir** (apenas para formato de nomenclatura não atual)

O botão **Translate** Translate (Traduzir) é apresentado se o seu formato dos alelos for apresentado com uma nomenclatura mais antiga. Clicar no botão tem os seguintes efeitos:

- Apresenta todos os códigos/pares de alelos atribuídos (exceto os do campo Other Assignment [Outra atribuição]) e possíveis no formato de nomenclatura mais recente. Se não for possível encontrar um alelo correspondente no novo formato, o alelo continua a ser apresentado no formato antigo.
- Pode visualizar e imprimir esta visualização, mas os resultados não podem ser guardados ou incluídos em relatórios.
- Para voltar ao formato de alelos antigo, pode navegar para outra amostra e voltar em seguida a esta amostra.

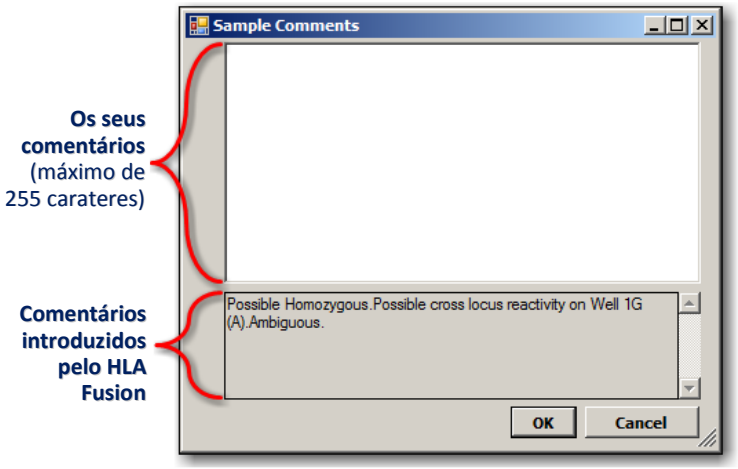
### Adicionar comentários às amostras

Os comentários que o utilizador ou o Fusion adicionam no campo **Comments** (Comentários) são apresentados com os resultados das amostras nas funções atuais de sessão de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

1. Na janela de análise, introduza os comentários da amostra no campo **User Comment** (Comentário do utilizador) abaixo da área Assignments (Atribuições).

Em alternativa, clique duas vezes no campo de comentários do utilizador para abrir um espaço maior para escrever.

Os comentários são guardados apenas depois de clicar no botão **Save** Save (Guardar).

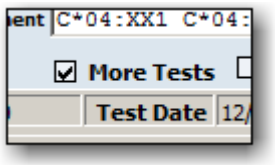

Sample Comments
Os seus comentários (máximo de 255 carateres)
Comentários introduzidos pelo HLA Fusion
Possible Homozygous.Possible cross locus reactivity on Well 1G (A).Ambiguous.
OK
Cancel

**Nota:** O campo maior para comentários do utilizador expande-se de forma a permitir um máximo de 255 carateres.

### Sinalizar uma amostra para testes adicionais

Pode indicar a necessidade de realizar testes adicionais numa amostra selecionando a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes) e clicando em seguida no botão **Save >>** (Guardar >>). A indicação More Tests (Mais testes) é apresentada nos resultados, procura de dados e relatórios da amostra.

- Na janela de análise, clique na caixa de verificação **More Tests** (Mais testes), localizada abaixo da área Assignments (Atribuições).



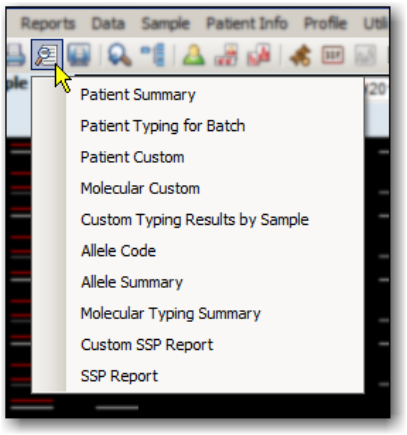

### Imprimir a janela de análise atual

**O botão** Print Screen (Imprimir ecrã) imprime a janela de análise atualmente apresentada.

- Na janela de análise, clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas para imprimir o ecrã de análise atual.

### Pré-visualizar ou imprimir relatórios

Para visualizar um relatório Micro SSP para a amostra atual, utilize o botão **Preview Report** (Pré-visualizar/Relatório) e/ou **Print Report** (Imprimir relatório) na barra de ferramentas.




Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista dos relatórios que pode pré-visualizar ou imprimir para a amostra atual. Os menus pendentes de relatório são idênticos tanto para Preview Report (Pré-visualizar relatório) como para Print Report (Imprimir relatório).

**Nota:** Se selecionar **Molecular Custom** (Relatório molecular personalizado), não é possível criar um novo relatório personalizado nesse momento. Os únicos relatórios personalizados disponíveis na janela de análise são os anteriormente criados através da janela **Reports** (Relatórios).

### Atribuir resultados codificados

Utilize o botão **Assign** Assign>> (Atribuir) para atribuir e guardar todos os resultados codificados possíveis não ambíguos (os resultados para os quais existe apenas um resultado codificado).

### Guardar atribuições

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório.

- Na janela de análise, clique no botão **Save** Save>> (Guardar), localizado no canto inferior direito da janela de análise, para guardar os resultados da análise.
- O Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte.
- As amostras devem ser guardadas para poder associar quaisquer comentários criados pelo utilizador na base de dados ou em relatórios. Para fins de confirmação, um supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as atribuições.

## Confirmar atribuições

Os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. As amostras são assinaladas como *Confirmed* (Confirmada).

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm**

(Confirmar), localizado no canto inferior direito da janela de análise, para confirmar todos os resultados da análise.

Passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.

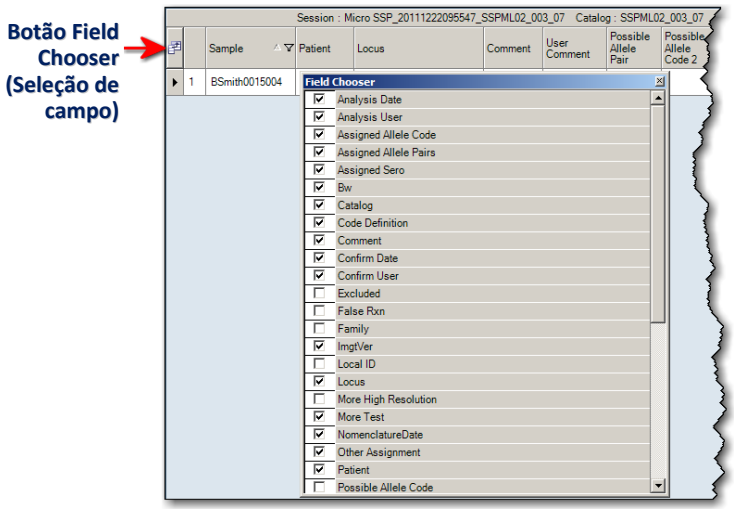
Quando voltar pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm**

(Confirmar) está agora sombreado a **roxo** para informar que foi confirmada anteriormente.

# Resumo da sessão Micro SSP

A tabela de resumo pode ser aberta clicando numa sessão na **árvore de navegação** no extremo direito do ecrã. Esta lista cada amostra na sessão e quaisquer resultados da análise guardados.

- Clique duas vezes numa amostra na Tabela de resumo para ir diretamente para o ecrã de análise desta amostra.



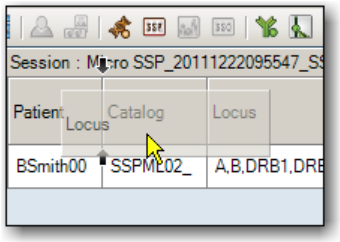

Clique no botão **Field Chooser** (Seleção de campo) à esquerda dos cabeçalhos da tabela para apresentar a seleção de campo.

Nesta janela, pode selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação junto aos cabeçalhos das colunas para incluir ou excluir essas colunas da **Tabela de resumo**.

Selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação nesta janela atualiza instantaneamente a tabela.

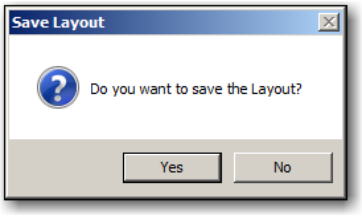
**Nota:** Se não vir um determinado campo disponível através da seleção de campo e tiver a certeza de que deveria existir, aceda a C:\HLA Fusion\temp e elimine o ficheiro com o nome **`SSP_Layout.xml`**.

- Clique no cabeçalho da coluna da Tabela de resumo para ordenar a tabela por essa coluna. A seta pequena **para cima** ▲ ou **para baixo** ▼ no cabeçalho da coluna indica a ordem: para cima para a ordem Ascendente e para baixo para a Descendente.




Também pode clicar num cabeçalho e arrastá-lo e largá-lo para alterar a ordem das colunas.

- Pode guardar quaisquer modificações efetuadas no esquema clicando no botão **Yes** (Sim) na caixa de mensagem que é apresentada.

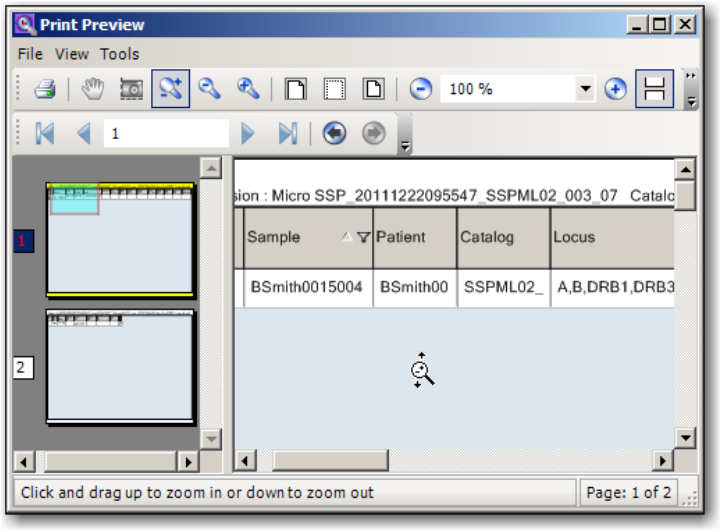


As suas alterações são guardadas para todos os futuros resumos de sessões Micro SSP neste computador até serem realizadas e guardadas modificações posteriores.

- Clique no botão **Export** (Exportar) (localizado na parte inferior do ecrã) para guardar a Tabela de resumo no computador ou na rede (a localização predefinida é **C:\OLI FUSION\data\report**). O ficheiro será guardado no formato de folha de cálculo do Excel (.XLS).

- Clique no botão **Print** (Imprimir) para criar uma cópia em papel da Tabela de resumo.

- Clique no botão **Preview** (Pré-visualizar) para visualizar e/ou redimensionar a Tabela de resumo antes da impressão.



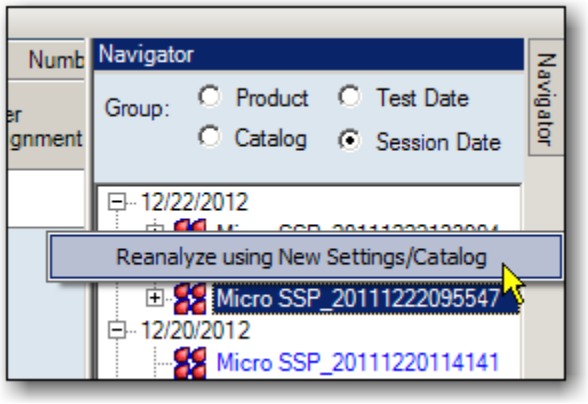

Na janela de pré-visualização da impressão, a barra de deslocamento de visualização de páginas do lado esquerdo apresenta ícones para cada página do relatório.

- Clique num ícone de página para a apresentar na janela de pré-visualização.

# Opções do menu do botão direito do rato do Navigator (Navegador) para Micro SSP

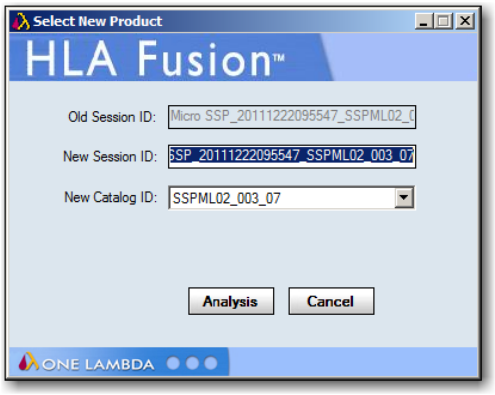
## Opções ao nível da sessão

Existe um menu que é apresentado se clicar com o botão direito do rato numa sessão ativa no Navigator (Navegador) (selecione primeiro a sessão clicando com o botão esquerdo do rato):




### Reanalisar com nova nomenclatura

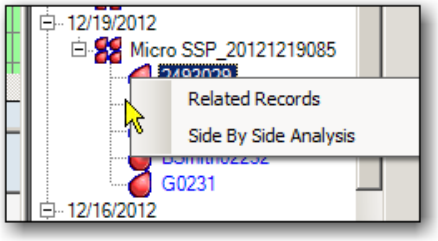
Permite reanalisar a sessão utilizando um catálogo novo ou atualizado.




1. Depois de clicar com o botão direito do rato numa sessão, é apresentado o ecrã **Select New Product** (Selecionar novo produto).
2. Altere o nome da sessão.
3. Clique na seta pendente ▼ no campo **New Catalog ID** (ID de novo catálogo) e selecione um novo catálogo da lista.
4. Clique no botão **Analysis** [Analysis] (Análise).

   A sessão na qual clicou com o botão direito do rato é reanalisada com o catálogo que selecionou.

### Opções ao nível da amostra



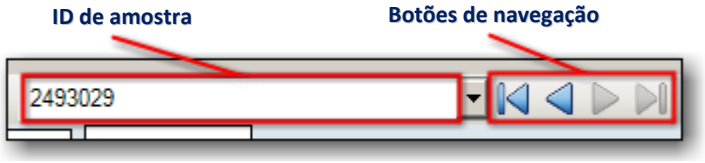

São apresentadas duas opções de menu se clicar com o botão direito do rato numa amostra ativa no Navigator (Navegador) (selecione primeiro a amostra clicando com o botão esquerdo do rato).

### Registos relacionados

Um registo relacionado é um registo que está associado à amostra atual através da ID de paciente ou da ID de amostra.

**Nota:** Esta opção também está disponível ao utilizar o botão **Related Records** (Registos relacionados) da barra de ferramentas.

- Clique com o botão direito do rato numa amostra do Navigator (Navegador) e selecione **Related Records** (Registos relacionados) para carregar todos os registos relacionados com a amostra atual na lista pendente **Sample** (Amostra) (na parte superior, ao centro do ecrã).



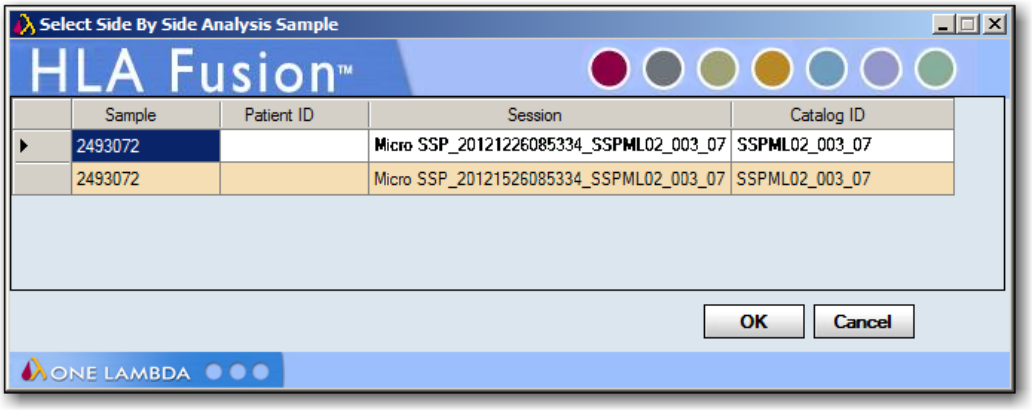

Utilize os botões de navegação da amostra para apresentar a análise de cada registo relacionado um por um.

Para voltar a visualizar as amostras nas sessões atuais, clique na ligação **<<Summary** (Resumo) na parte superior da janela.

### Análise lado a lado

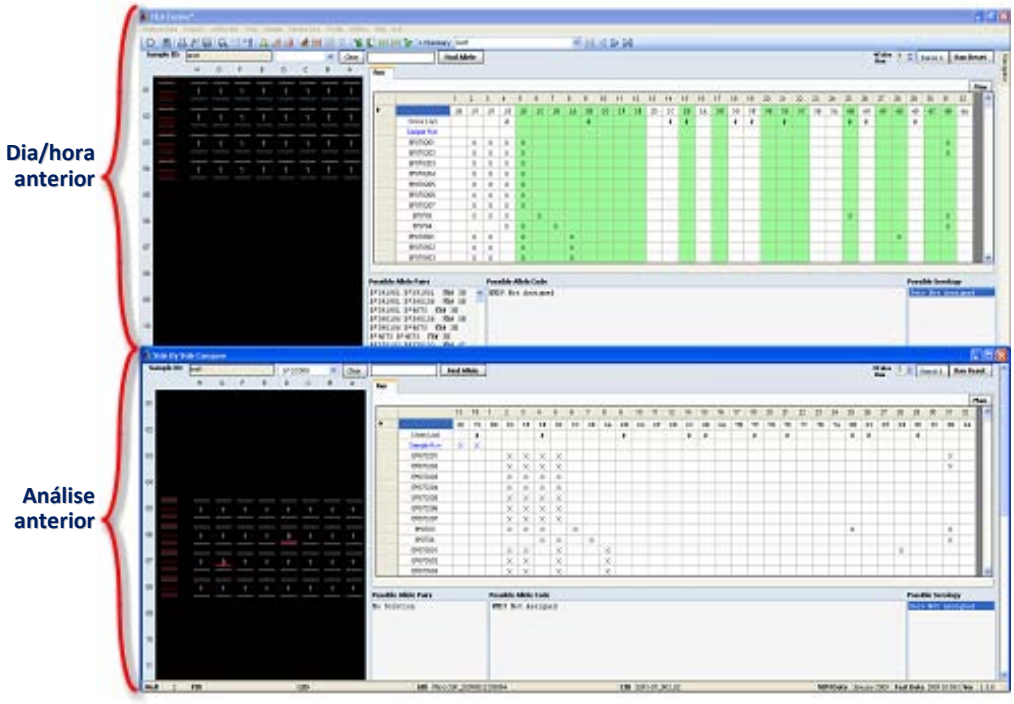
Utilize esta opção para comparar a análise da amostra atual com a anteriormente realizada.

**Nota:** Esta opção também está disponível ao utilizar o botão da barra de ferramentas **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado).




- Clique com o botão direito na amostra e selecione **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado).
- Selecione uma análise de amostra anterior na lista apresentada para a comparar com a atual. Em seguida, as duas janelas de análise são apresentadas numa janela de comparação.

**Visualização de análise lado a lado**




- Cada janela pode ser redimensionada e movida arrastando e largando.
- Clique novamente no botão da barra de ferramentas **Side-By-Side Analysis** (Análise lado a lado) para cancelar a apresentação de comparação.

# Análise LABScreen

A função de análise LABScreen do programa permite analisar ficheiros de saída CSV Luminex de produtos LABScreen. Os resultados da análise baseiam-se nas especificações do catálogo fornecidas com o software HLA Fusion.

Alguns pontos devem ser concluídos ou verificados antes de iniciar uma sessão de análise:

- Certifique-se de que dispõe dos ficheiros de catálogo mais recentes.
- Poderá transferir ou atualizar catálogos na página inicial do LABScreen.
- Algumas funções, como a normalização w632, podem não estar disponíveis se ainda não tiver importado o(s) catálogo(s) apropriado(s).
- Visualize e modifique as definições globais de configuração do produto antes de iniciar a análise. As definições globais são apresentadas e podem ser modificadas na página inicial do LABScreen ou através do menu Utilities (Acessórios). As definições globais aplicam-se a todas as novas sessões importadas.
- Poupe tempo ao importar ficheiros CSV verificando se os URLs e os caminhos predefinidos indicam os locais onde estes ficheiros são normalmente armazenados no seu sistema ou rede. Estas definições também podem ser modificadas na secção General Configurations (Configurações gerais) da página predefinida do Fusion.
- Se preferir que o HLA Fusion permaneça numa amostra que já tinha guardado ou confirmado em vez de passar automaticamente para a amostra seguinte, pode defini-lo na secção General Configurations (Configurações gerais) da página inicial do Explorador do Fusion .

**Nota:** Algumas das tarefas acima requerem privilégios de utilizador supervisor. Poderá ter de verificar junto do seu supervisor se estas tarefas foram concluídas.

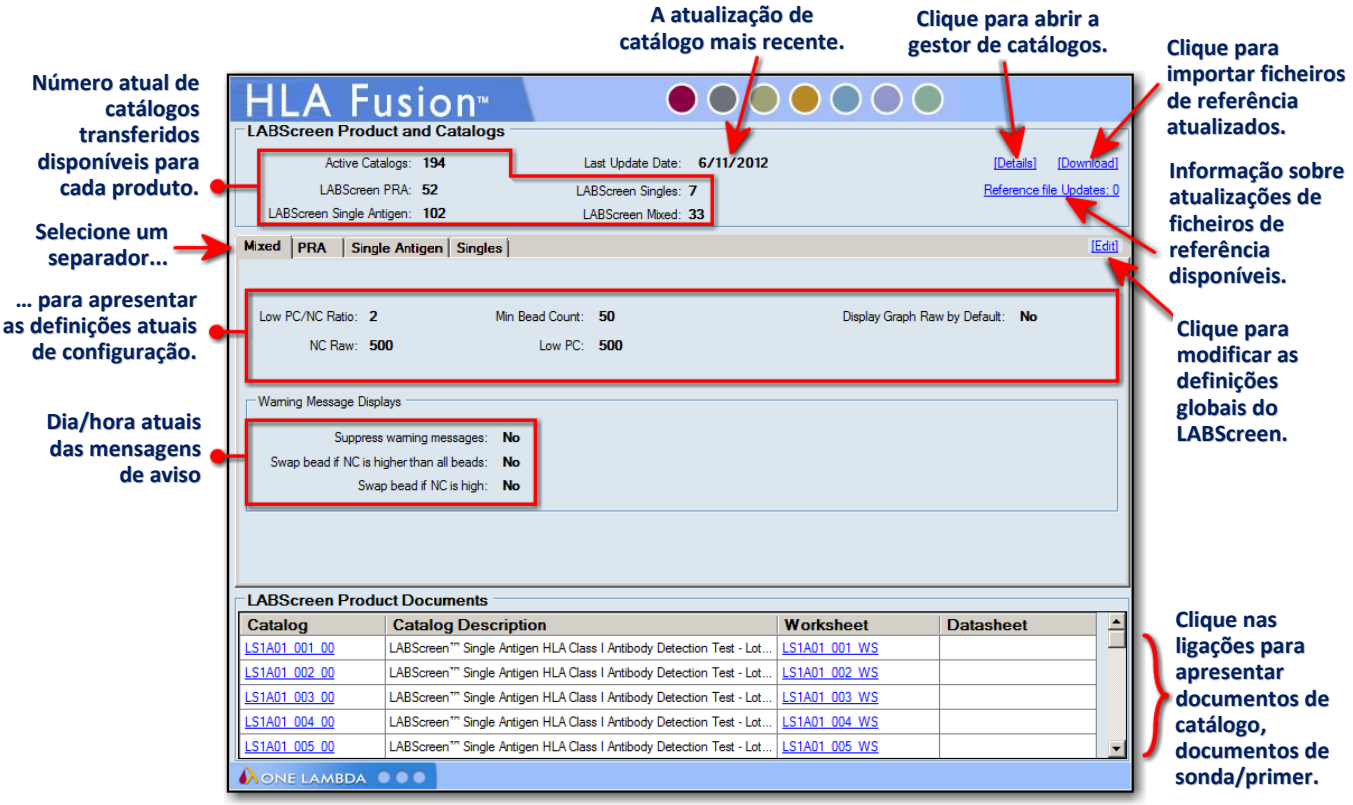
# Iniciar a análise LABScreen

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Se pretender definir a normalização W632 como a predefinição para a análise LABScreen simples, selecione a caixa de verificação junto a Use W632 Normalization as Default (Utilizar normalização W632 como predefinição) na página de configuração do produto de análise LABScreen simples. |

## Adquirir dados da sessão LABScreen

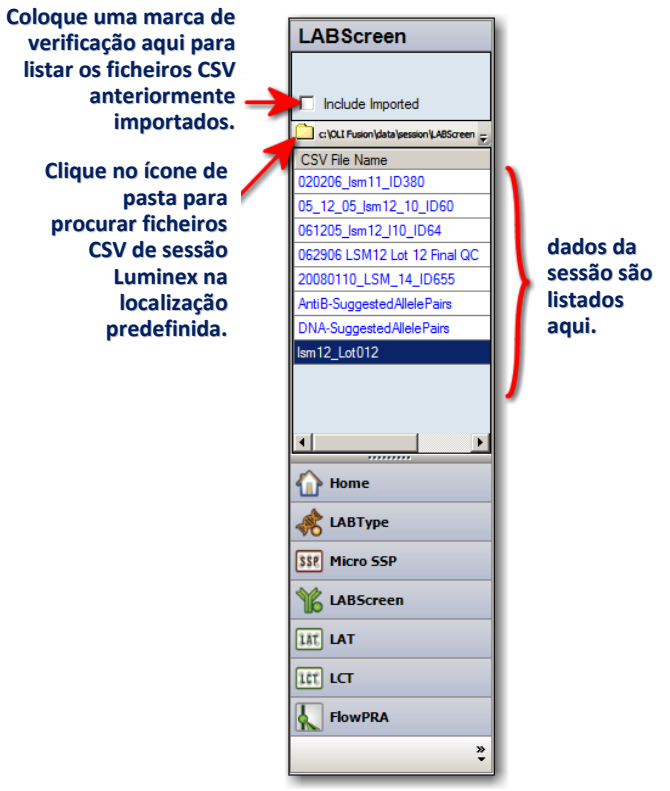
Selecione o botão LABScreen no painel da página inicial

ou na barra de ferramentas do Fusion .


A atualização de catálogo mais recente.
Clique para abrir a gestor de catálogos.
Clique para importar ficheiros de referência atualizados.
Número atual de catálogos transferidos disponíveis para cada produto.
Informação sobre atualizações de ficheiros de referência disponíveis.
Selecione um separador...
... para apresentar as definições atuais de configuração.
Clique para modificar as definições globais do LABScreen.
Dia/hora atuais das mensagens de aviso
Clique nas ligações para apresentar documentos de catálogo, documentos de sonda/primer.
HLA Fusion™
LABScreen Product and Catalogs
Active Catalogs: 194
Last Update Date: 6/11/2012
[Details] [Download]
LABScreen PRA: 52
LABScreen Singles: 7
Reference file Updates: 0
LABScreen Single Antigen: 102
LABScreen Mixed: 33
Mixed | PRA | Single Antigen | Singles
[Edit]
Low PC/NC Ratio: 2
Min Bead Count: 50
Display Graph Raw by Default: No
NC Raw: 500
Low PC: 500
Warning Message Displays
Suppress warning messages: No
Swap bead if NC is higher than all beads: No
Swap bead if NC is high: No
LABScreen Product Documents
Catalog
Catalog Description
Worksheet
Datasheet
LS1A01_001_00
LABScreen™ Single Antigen HLA Class I Antibody Detection Test - Lot...
LS1A01_001_WS
LS1A01_002_00
LABScreen™ Single Antigen HLA Class I Antibody Detection Test - Lot...
LS1A01_002_WS
LS1A01_003_00
LABScreen™ Single Antigen HLA Class I Antibody Detection Test - Lot...
LS1A01_003_WS
LS1A01_004_00
LABScreen™ Single Antigen HLA Class I Antibody Detection Test - Lot...
LS1A01_004_WS
LS1A01_005_00
LABScreen™ Single Antigen HLA Class I Antibody Detection Test - Lot...
LS1A01_005_WS
ONE LAMBDA

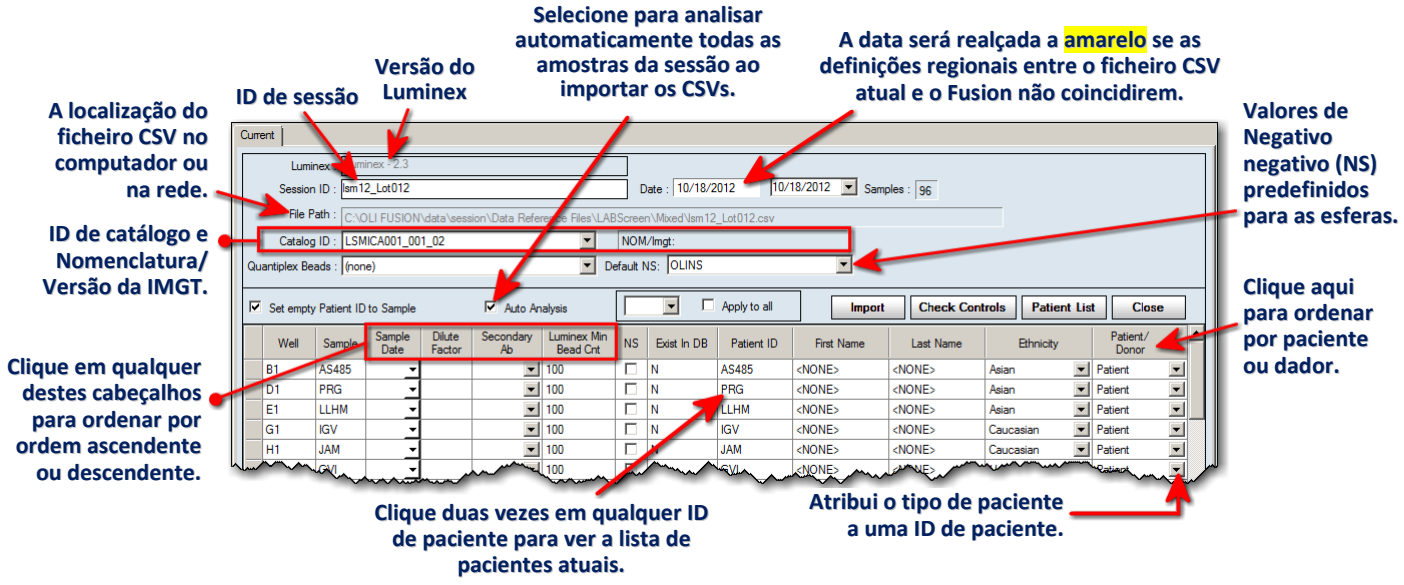
É apresentada a página inicial do LABScreen.

**Nota:** Abra as fichas de trabalho e as fichas de sonda/primer para verificar a exatidão dos números de revisão (estes documentos não contêm um número de revisão no respetivo nome de ficheiro).

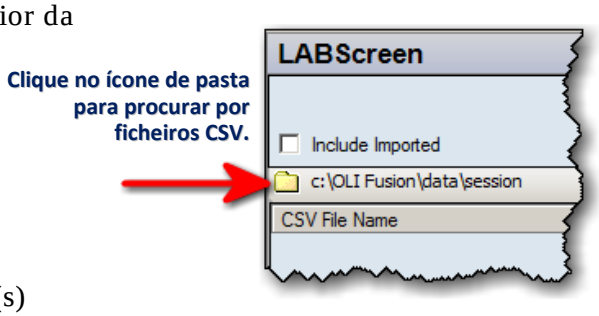



Selecione uma sessão na lista CSV File Name (Nomes de ficheiros CSV).

É apresentada a janela **LABScreen Session Import** (Importar sessão LABScreen).

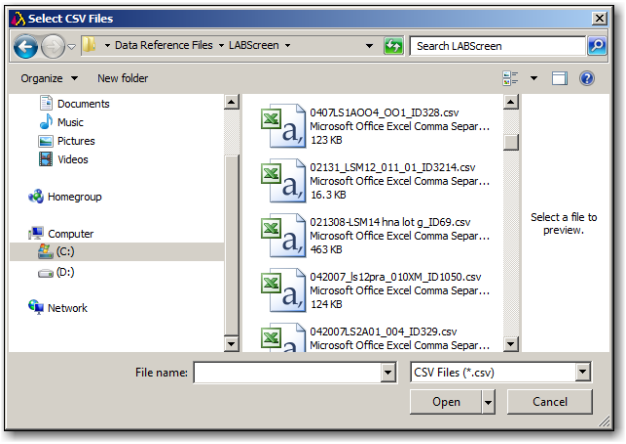

Selecione para analisar automaticamente todas as amostras da sessão ao importar os CSVs.
A data será realçada a amarelo se as definições regionais entre o ficheiro CSV atual e o Fusion não coincidirem.
ID de sessão
Versão do Luminex
A localização do ficheiro CSV no computador ou na rede.
ID de catálogo e Nomenclatura/ Versão da IMGT.
Valores de Negativo negativo (NS) predefinidos para as esferas.
Clique aqui para ordenar por paciente ou dador.
Clique em qualquer destes cabeçalhos para ordenar por ordem ascendente ou descendente.
Clique duas vezes em qualquer ID de paciente para ver a lista de pacientes atuais.
Atribui o tipo de paciente a uma ID de paciente.
Current
Session ID : lsm12_Lot012
Date : 10/18/2012
Samples : 96
File Path :
Catalog ID : LSMICA001_001_02
NOM/Imgt:
Quantiplex Beads : (none)
Default NS: OLINS
Set empty Patient ID to Sample
Auto Analysis
Apply to all
Import
Check Controls
Patient List
Close
Well
Sample
Sample Date
Dilute Factor
Secondary Ab
Luminex Min Bead Cnt
NS
Exist In DB
Patient ID
First Name
Last Name
Ethnicity
Patient/ Donor

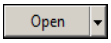
1. Clique no ícone de pasta pequena na parte superior da lista CSV File Name (Nomes de ficheiros CSV) do LABScreen.




2. Selecione um ficheiro da lista de ficheiros CSV anteriormente importados ou clique no ícone de **pasta** para procurar a localização do(s) ficheiro(s) CSV do LABScreen no computador ou na rede.

Procurar ficheiros de sessão LABScreen




3. Selecione um ficheiro CSV de sessão e clique no botão Open  (Abrir) para apresentar as amostras associadas na tabela Sample/Patient Details (Detalhes de amostras/pacientes) atual.



**Nota:** Poderá ver ficheiros CSV de produtos que não os do LABScreen ou outros ficheiros CSV. Isto significa que deverá clicar primeiro numa subpasta do LABScreen ou que os seus ficheiros de sessão LABScreen não se encontram no diretório indicado pelo HLA Fusion.

**Nota:** O HLA Fusion converte dados de ficheiros CSV gerados pelo Luminex, como data e hora, para o código regional local se for especificado um código regional no ficheiro CSV. (Não é possível especificar um código regional para ficheiros CSV criados com a versão do software Luminex 2.2 ou anterior.) Se o primeiro campo da data estiver realçado a amarelo, indica uma correspondência de código regional errada. Neste caso, recomenda-se que utilize o seletor pendente no segundo campo da data para escolher a data adequada, tendo em consideração as diferenças regionais de formato de data.

Se uma amostra já estiver associada a um paciente, é apresentada a ID de paciente e quaisquer informações relacionadas com o paciente.

Para adicionar informações de paciente, proceda da seguinte forma:

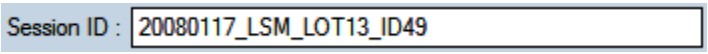
- Para adicionar dados do sistema, clique duas vezes na coluna Patient ID (ID de paciente) da tabela Sample/Patient Details (Detalhes de amostras/pacientes) ou clique no botão **Patient List** (Lista de pacientes) na barra de ferramentas. A janela **Import Patient** (Importar paciente) é apresentada, permitindo importar o ficheiro de informações do paciente.
- Para adicionar manualmente dados de paciente, introduza os dados nos campos da tabela relacionados com o paciente.
- Poderá atribuir a ID de amostra a campos de Patient ID (ID de paciente) vazios selecionando a caixa de verificação para ***Set empty patient ID to Sample*** (Definir ID de paciente vazia para amostra).

Para atribuir um Ab secundário às amostras, proceda da seguinte forma:

- Para atribuir um Ab secundário a amostras individuais, selecione na lista pendente **Secondary Ab** (Ab secundário) ou introduza-o no campo associado.
- Para atribuir um Ab secundário a todas as amostras, selecione na lista pendente **Apply to all** (Aplicar a todas) ou introduza-o no campo e, em seguida, selecione a caixa de verificação **Apply to all**.

O sistema atribui uma ID de sessão automaticamente. Opcionalmente, pode alterar a ID.

**Campo Session ID (ID de sessão) do LABScreen**




**Nota:** Uma ID de sessão deve ser exclusiva na base de dados do Fusion. Se a ID de sessão já existir, o software pede-lhe que altere o nome da sessão. Recomenda-se vivamente que não utilize carateres especiais neste campo, uma vez que podem desempenhar uma função específica enquanto separadores de campo.

4. Selecione um ficheiro de catálogo. O seu método de seleção de catálogo será um dos seguintes, dependendo do ficheiro CSV e dos ficheiros de catálogo que importou para o LABScreen.

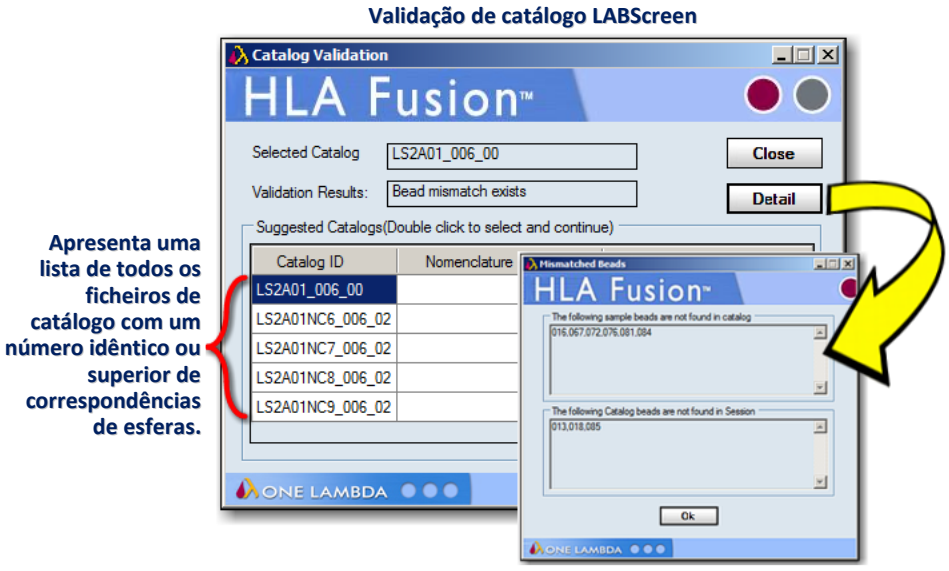
**Nota:** Se necessitar de importar mais catálogos, clique na ligação **[Download]** (Transferir) na página inicial do LABScreen para adicionar novos ficheiros de catálogo à sua base de dados. A lista pendente de catálogos pode não ser imediatamente atualizada se tiver transferido os catálogos durante esta sessão de importação. Pode ser necessário clicar no botão **Home** (Início) e, em seguida, clicar novamente no botão **LABScreen** para voltar ao processo de importação.

Se o ficheiro CSV especificar um nome de modelo (apenas aplicável a ficheiros CSV do Luminex 2.2 e posterior) e um dos catálogos disponíveis estiver associado a esse modelo, então esse catálogo é automaticamente selecionado.

Também poderá selecionar um catálogo diferente do que o sistema selecionou utilizando a lista pendente no campo **Catalog ID** (ID de catálogo) e selecionando qualquer catálogo listado.

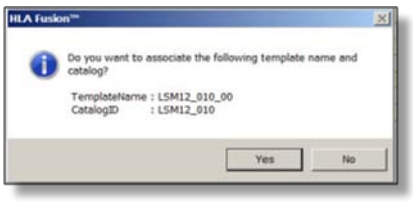
Se não existir correspondência de modelos, o sistema considera então a correspondência de esferas mais próxima entre a sessão e todos os catálogos disponíveis. Se apenas existir a correspondência próxima de um catálogo, este é automaticamente selecionado e pode aceder ao botão

5. Depois de verificadas as informações relativas à sessão e à amostra, clique no botão Detail (Detalhe). Se existir mais do que uma correspondência, é apresentada uma caixa de diálogo de validação de catálogo com as melhores correspondências de esferas. Poderá confirmar o catálogo selecionado clicando no botão **Close** (Fechar). Ou poderá clicar duas vezes num nome de catálogo na lista **Suggested Catalogs** (Catálogos sugeridos).



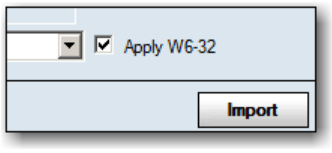

6. Após a validação do catálogo, o sistema poderá perguntar se gostaria de associar o nome de modelo ao catálogo.

   Isto significa que, de futuro, em qualquer ficheiro CSV que referencie este modelo, o sistema seleciona-o automaticamente; no entanto, pode selecionar um catálogo diferente para o ficheiro CSV antes de o importar.




**Nota:** Se pretender ver a amostra de soro negativo (NS) selecionada sobreposta com o NS predefinido para a amostra atual, deve fazê-lo antes de importar a sessão.

Se selecionar um ficheiro CSV de antigénios simples de classe I e um catálogo com dados W6-32, é apresentada a caixa de verificação Apply W6-32 (Aplicar W6-32). Se for apresentada esta caixa de verificação, pode optar por normalizar os dados importados para W6-32 selecionando-a.



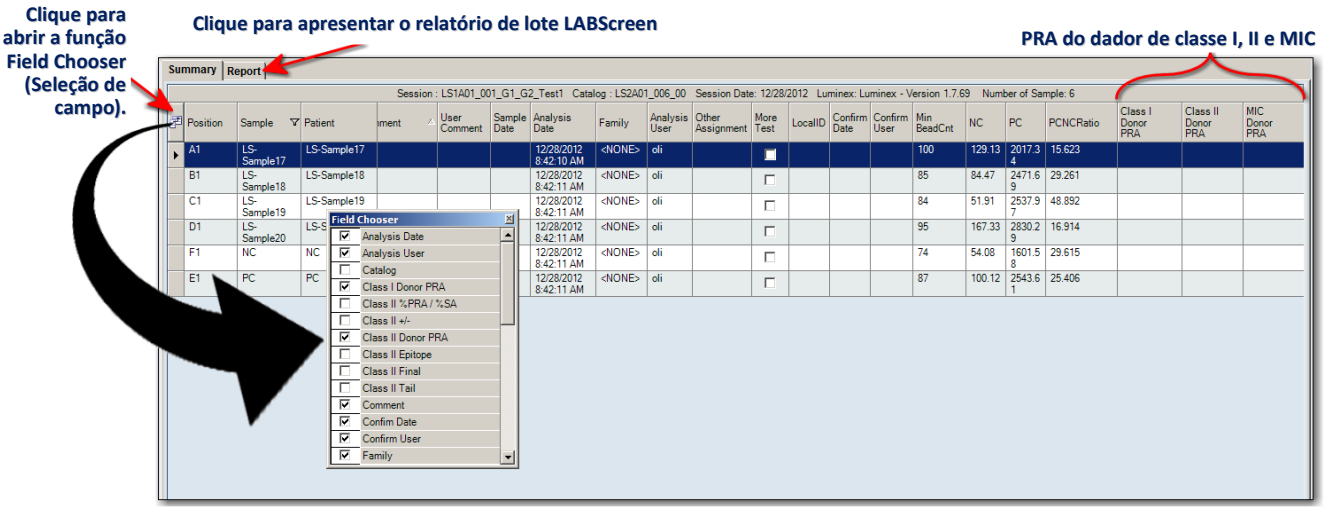
Deve importar um tipo de catálogo de antigénios simples LABScreen e um ficheiro CSV que contenha dados W6-32 para aplicar a normalização W6-32.

7. Depois de verificadas as informações relativas à sessão e à amostra, clique no botão **Import** Import (Importar). A sessão é apresentada na árvore do **Navigator** (Navegador) do lado direito para análise subsequente.

Poderá continuar a importar ficheiros de sessão Luminex ou poderá clicar numa sessão no Navigator (Navegador) para iniciar a análise. Independentemente do modo, pode navegar entre sessões e amostras de várias formas durante a análise.

## Ecrã de resumo da sessão LABScreen

Na árvore do **Navigator** (Navegador), clique num nome de sessão. É apresentada a **Tabela de resumo da sessão**.




Ecrã de resumo da sessão LABScreen

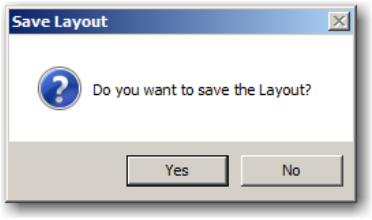
- Clique duas vezes numa amostra na Tabela de resumo para ir diretamente para o ecrã de análise desta amostra.
- Percorra a lista para a esquerda e para a direita para ver todas as colunas da Tabela de resumo.
- Clique no botão **Field Chooser** (Seleção de campo) à esquerda dos cabeçalhos da tabela. É apresentada a caixa **Field Chooser** (Seleção de campo). Pode selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação junto aos cabeçalhos das colunas para incluir ou excluir essas colunas da Tabela de resumo. Selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação nesta janela atualiza instantaneamente a tabela.

- Clique no botão **Auto Accept All**

(Aceitar todos automaticamente) para permitir a atribuição e aceitação automática dos resultados (tanto caudais como de epítopos) após a importação.

**Nota:** Se não vir um determinado campo disponível através da seleção de campo e tiver a certeza de que deveria existir, aceda a C:\HLA Fusion\temp e elimine o ficheiro com o nome: **`X_X_X(`***`tipo de antigénio`***`)_Layout.xml`**. Para uma lista dos nomes utilizados para representar os ficheiros de esquema para os diferentes produtos de antigénio de rastreio, consulte a secção *Atribuição de nomes de ficheiros de esquema do resumo da sessão*.

- É possível modificar as colunas e a ordem da tabela de resumo da sessão e guardar as suas seleções. Ao sair de Field Chooser (Seleção de campo), é apresentada uma mensagem de contexto a perguntar se pretende guardar quaisquer alterações efetuadas na seleção de campo. Se selecionar **Yes** (Sim), apenas as colunas selecionadas são apresentadas neste computador até serem realizadas e guardadas modificações posteriores.




**Nota:** São sempre apresentadas duas colunas de dados da sessão, mesmo que guarde as definições da seleção de campo: **Sample ID** (ID de amostra) e **Well Pos** (Poço positivo).

- Além de Field Chooser (Seleção de campo), pode clicar em qualquer cabeçalho da coluna na Tabela de resumo para ordenar a tabela por essa coluna. As setas no cabeçalho da coluna indicam a ordem — seta para cima ▲ para ordem ascendente e seta para baixo ▼ para ordem descendente. Também pode clicar num cabeçalho da coluna e arrastá-lo e largá-lo para alterar a ordem das colunas.

- Clique no botão **Export**

(Exportar) para guardar a Tabela de resumo como uma folha de cálculo Excel (*xls) no computador ou na rede (a localização predefinida é **`C:\OLI FUSION\data\report`**).

- Os botões **Print**

(Imprimir) e **Preview**

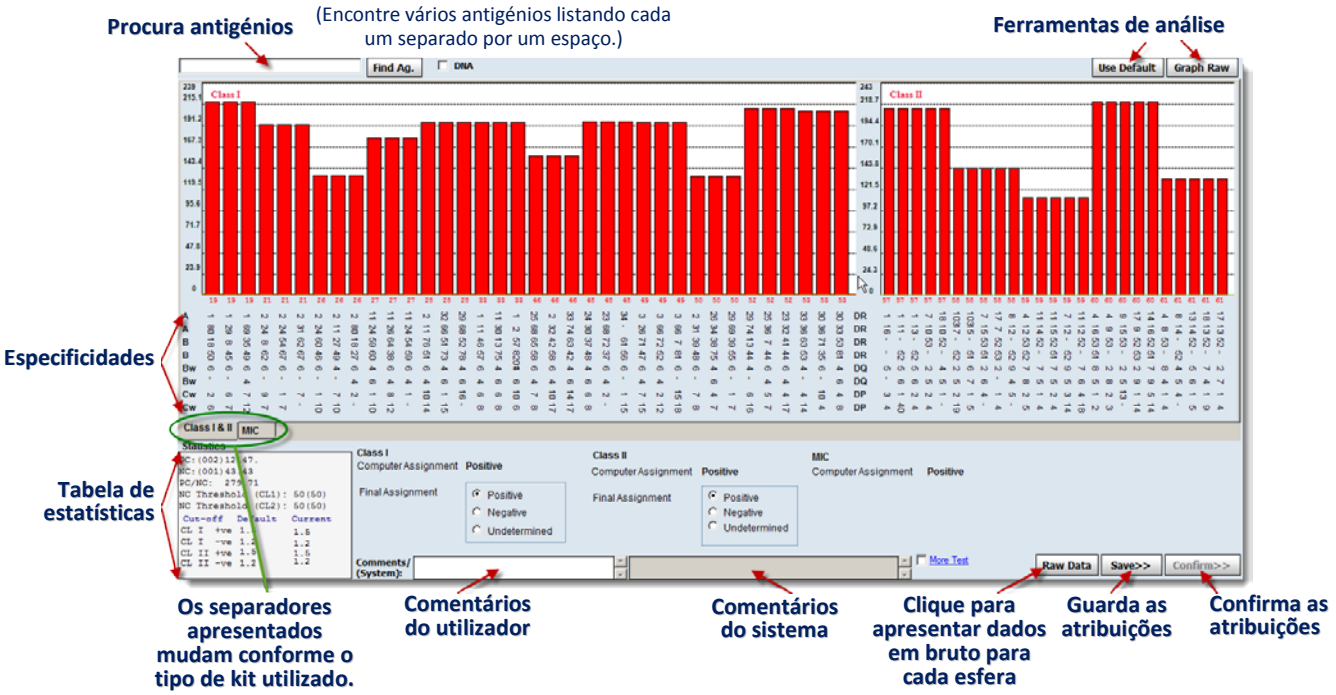
(Pré-visualizar) aqui apresentados oferecem funcionalidades semelhantes às de outros programas do HLA Fusion.

# Utilizar a janela de análise mista LABScreen

Para cada amostra mista LABScreen na sessão atual, pode visualizar os dados de teste, ajustar os valores de interrupção e atribuir resultados de rastreio, bem como:

- Rever dados e realizar atribuições gerais
- Colocar um círculo nos antigénios na tabela de especificidades
- Visualizar especificidades moleculares
- Visualizar resultados de rastreio de classe I, classe II e MIC
- Ajustar valores de interrupção
- Rever uma tabela de dados em bruto para todas as esferas na amostra
- Sobrepor a amostra de soro negativo na amostra atual
- Adicionar comentários, assinalar a amostra para mais testes e visualizar o relatório de análise de uma amostra
- Guardar e confirmar resultados

O ecrã de análise mista LABScreen:



**Nota:** Se preferir tornar **Graph Raw** (Gráfico de dados em bruto) a vista predefinida ao aceder à janela de análise LABScreen, aceda às definições de configuração do produto LABScreen e selecione a caixa de verificação junto a **Display Graph Raw by Default** (Visualizar gráfico de dados em bruto por defeito).

- Tanto a classe I como a classe II do HLA são apresentadas numa única janela com o primeiro separador dos resultados de rastreio. Os resultados de MIC podem ser acedidos num separador subsequente. Os resultados da análise são positivos, negativos ou indeterminados.
- O valor normalizado é apresentado utilizando a fórmula de rácio para cada esfera na amostra.
- As esferas revestidas com antigénios de classe I são listadas no histograma Class I (Classe I) do lado esquerdo da janela Class I/II (Classe I/II) e as esferas revestidas com antigénios de classe II são apresentadas no histograma Class II (Classe II) do lado direito da janela. As etiquetas do eixo X mostram os números das esferas e as do eixo Y listam os intervalos de valores normalizados das esferas para cada histograma.

Cores das barras:

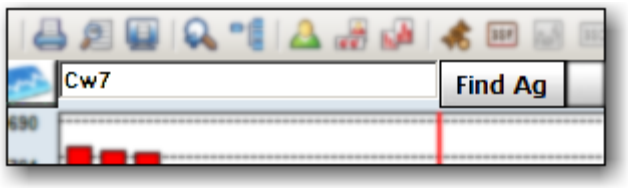
- **Positivo =**
- **Negativo =**
- **Indeterminado =**

## Localizar antigénio

Introduza um ou vários antigénios para lhe(s) colocar um círculo na área de especificidade (no centro) da janela de análise.

1. Na janela de análise, introduza os antigénios, separados por um espaço, no campo junto ao botão **Find Ag** Find Ag (Localizar antigénio). As cadeias de antigénios que introduzir devem corresponder ao antigénio apresentado na janela.

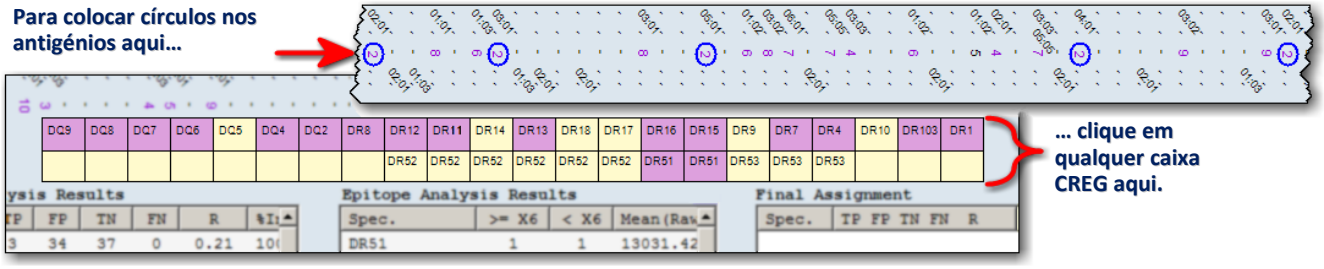
O campo Find Antigen (Localizar antigénio)



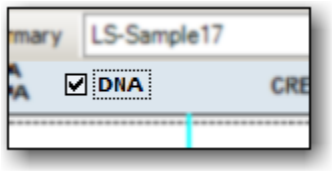
Clique no botão **Find Ag** Find Ag (Localizar antigénio) para colocar um círculo nos antigénios introduzidos.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Se o antigénio introduzido for um antigénio amplo, será colocado um círculo nos respetivos antigénios fragmentados. Por exemplo, se for introduzido o A9, serão colocado um círculo no A23 e no A4. |

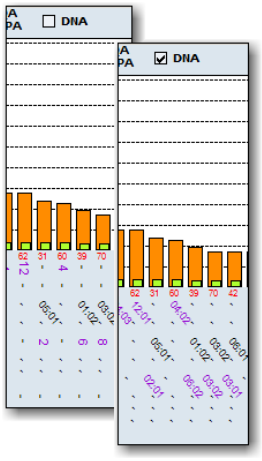
Também pode clicar em qualquer das caixas na barra **CREG** (conforme apresentado acima) para colocar um círculo nos antigénios da área de especificidades sem ter de introduzir o antigénio no campo Find Antigen (Localizar antigénio).


Para colocar círculos nos antigénios aqui...
DQ9 DQ8 DQ7 DQ6 DQ5 DQ4 DQ2 DR8 DR12 DR11 DR14 DR13 DR18 DR17 DR16 DR15 DR9 DR7 DR4 DR10 DR103 DR1
DR52 DR52 DR52 DR52 DR52 DR52 DR51 DR51 DR53 DR53 DR53
... clique em qualquer caixa CREG aqui.
Epitope Analysis Results
Spec. >= X6 < X6 Mean(Raw
DR51 1 1 13031.42
Final Assignment
Spec. TP FP TN FN R

## Visualizar a tipologia molecular de antigénios




1. Na janela de análise, selecione a caixa de verificação **DNA** (ADN) abaixo de **Sample Name** (Nome de amostra), na parte superior, para apresentar a tipologia molecular dos antigénios na amostra.




A tipologia molecular é apresentada a **roxo** na área de especificidade central do ecrã.

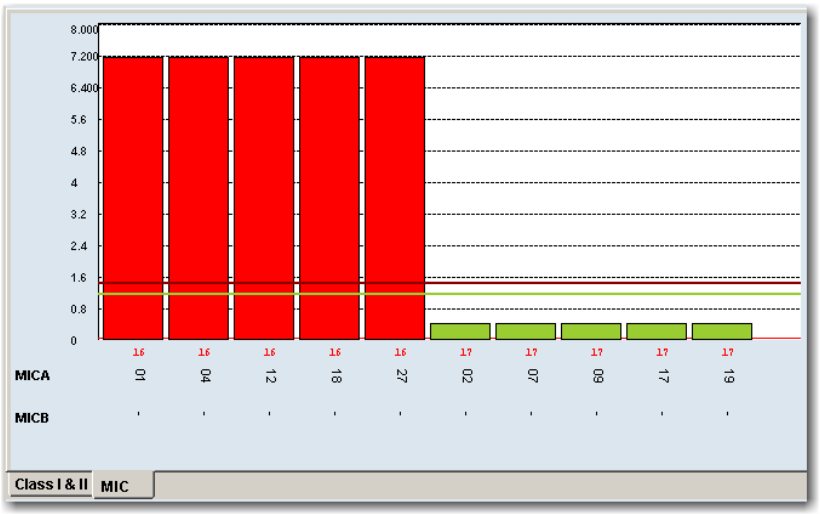
Anule a seleção da caixa de verificação **DNA** (ADN) para voltar à visualização de especificidades serológicas.

### Visualizar os resultados de rastreio de anticorpos MIC

Selecione o separador identificado como **MIC** para rever os resultados de MIC para a amostra.

1. Na janela de análise, clique no separador **MIC** para apresentar os resultados de rastreio de MIC.

Ecrã de análise de anticorpos MIC

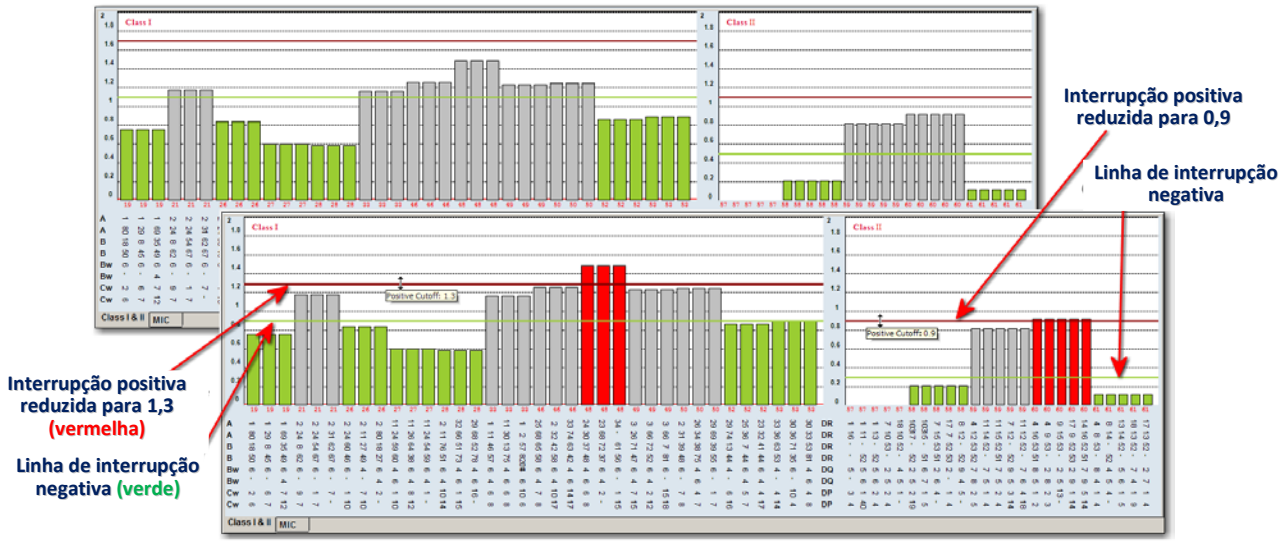



Para voltar aos resultados de classe I e classe II, clique no separador **Class I & II** (Classe I e II) no canto inferior esquerdo.

### Ajustar valores de interrupção

Pode alterar o valor de interrupção positiva ou negativa para cada amostra clicando e movendo as linhas de interrupção nos histogramas. No entanto, pode alterar apenas uma interrupção de limiar de cada vez.

- Na janela de análise, clique na barra de interrupção e arraste-a e largue-a para cima ou para baixo do gráfico de esferas para reanalisar a amostra com um novo valor de interrupção.


Interrupção positiva reduzida para 0,9
Linha de interrupção negativa
Interrupção positiva reduzida para 1,3 (vermelha)
Linha de interrupção negativa (verde)

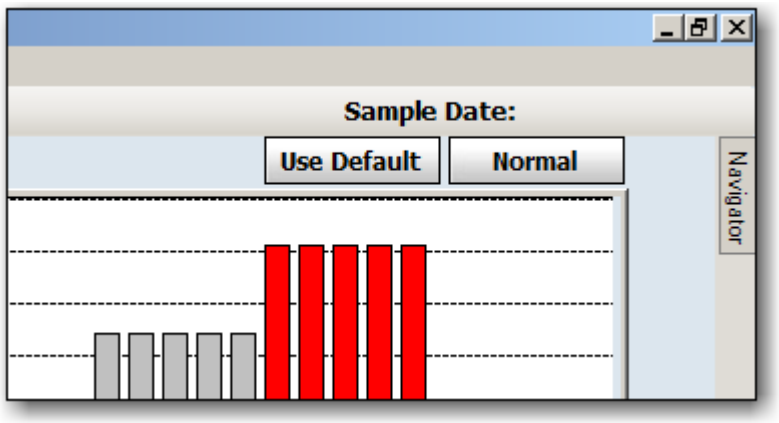
**Cores dos valores de interrupção:**

- O limiar de interrupção **positivo** tem a cor **vermelha**.
- O limiar de interrupção **negativo** tem a cor **verde**.

## Repor as predefinições em todas as opções

Quaisquer alterações efetuadas podem ser repostas com os valores predefinidos.

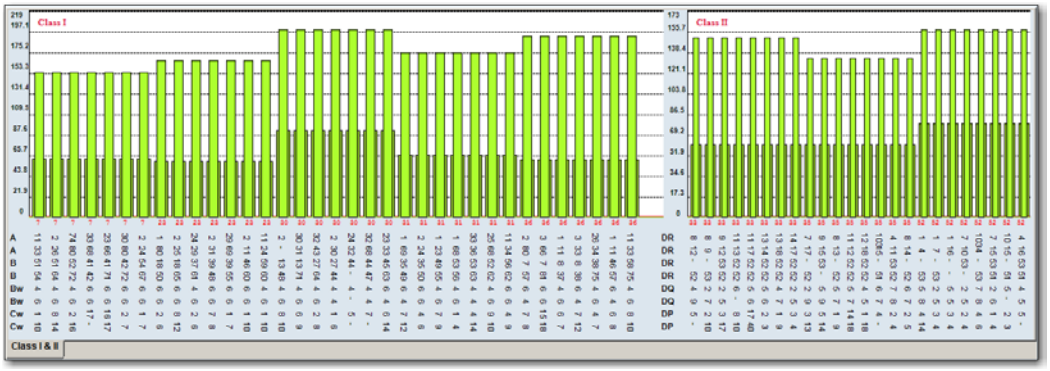
- Na janela de análise, clique no botão **Use Default** Use Default (Utilizar predefinição) no canto superior direito da janela para repor os valores predefinidos em todas as definições alteradas. A amostra é reanalisada com os valores predefinidos que foram utilizados quando a amostra foi selecionada para análise.




### Gráfico de dados em bruto

O gráfico de dados em bruto apresenta o valor bruto de intensidade média de fluorescência (MFI) de cada esfera sobreposto ao da MFI de soro de NC importado.

1. Na janela de análise, clique no botão **Graph Raw** Graph Raw (Gráfico de dados em bruto) no canto superior direito da janela para apresentar um gráfico de dados em bruto com valores de fundo do NS selecionado ou predefinido para cada esfera.



2. Clique no botão **Normal** Normal (canto superior direito) para voltar a um gráfico normalizado.

### Tabela de dados em bruto

As informações da análise são apresentadas sob a forma de tabela. Os poços positivos têm o texto a **vermelho**. As linhas realçadas a amarelo têm valores de reação superiores ao limiar.

1. Para apresentar os dados de uma amostra sob a forma de tabela, clique no botão **Raw Data** Raw Data (Dados em bruto) no canto inferior direito da janela de análise LABScreen.

**Tabela de dados em bruto mistos LABScreen**

| | | | | | | |
|---|---|---|---|---|---|---|
| **Sample :** | LS-Sample18 | **Patient :** | LS-Sample18 | **Well Pos :** | B1 | |
| **Session :** | LS1A01_001_G1_G2_Test1 | **Current Formula :** | BaseLine | **Test Date :** | 12/28/2012 8:42:11 AM | |
| **Catalog :** | LS2A01_006_00 | **Min. Region Threshold :** | X6 | **Formula :** | Baseline | |
| **NC Bead :** | 1 | **Negative Control Sample :** | OLINS | **Min Value :** | 2069.99 | |

| Bead ID | Sample Raw | Sample NC | LSNS Raw | LSNS NC | Baseline | NBG Ratio | Rxn | Count | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 | Molecular Specificity |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 001 | 84.47 | 84.47 | 23.1 | 23.1 | 0 | 1 | NC | 641 | | | | | | | | | |
| 002 | 2471.69 | 84.47 | 11337 | 23.1 | 0 | 0.06 | PC | 617 | | | | | | | | | |
| 003 | 281.64 | 84.47 | 106.9 | 23.1 | 113.37 | 0.72 | 1 | 85 | DR1 | | | | | | | | DRB1*01:01,-,-,-,-,-,-,-,-,-,- |
| 004 | 4231.38 | 84.47 | 152.1 | 23.1 | 4017.91 | 7.61 | 6 | 209 | DR1 | | | | | | | | DRB1*01:02,-,-,-,-,-,-,-,-,-,- |
| 005 | 8973.91 | 84.47 | 103.8 | 23.1 | 8808.74 | 23.64 | 8 | 164 | DR103 | | | | | | | | DRB1*01:03,-,-,-,-,-,-,-,-,-,- |
| 077 | 502.13 | 84.47 | 256.1 | 23.1 | 184.66 | 0.54 | 2 | 485 | | | | | DQ6 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:02,-,DQB1*06:04,-,-,-,- |
| 078 | 110.72 | 84.47 | 275.5 | 23.1 | 0 | 0.11 | 1 | 420 | | | | | DQ6 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:02,-,DQB1*06:09,-,-,-,- |
| 079 | 142.67 | 84.47 | 408.7 | 23.1 | 0 | 0.1 | 1 | 310 | | | | | | | | DP2 | -,-,-,-,-,-,-,-,DPA1*02:01,-,DPB1*02:02,- |
| 080 | 119.87 | 84.47 | 259.9 | 23.1 | 0 | 0.13 | 1 | 445 | | | | | | | | DP13 | -,-,-,-,-,-,-,-,DPA1*02:01,-,DPB1*13:01,- |
| 082 | 137.58 | 84.47 | 231.2 | 23.1 | 0 | 0.16 | 1 | 274 | | | | | | | | DP15 | -,-,-,-,-,-,-,-,DPA1*02:01,-,DPB1*15:01,- |
| 083 | 6891.33 | 84.47 | 141.2 | 23.1 | 6688.76 | 13.35 | 8 | 213 | | | | | | | | DP18 | -,-,-,-,-,-,-,-,DPA1*02:01,-,DPB1*18:01,- |

2. Clique num cabeçalho da coluna (por ex., Baseline [Linha de base]) para ordenar a tabela por esses critérios.

3. Clique no botão **Close** (Fechar), localizado no canto superior direito do ecrã, para fechar a janela **Raw Data Table** (Tabela de dados em bruto) e voltar à análise.

### Relatório de dados em bruto

Para navegar, exportar e imprimir mais facilmente, pode criar um relatório que contenha informações de dados em bruto para a amostra atual.

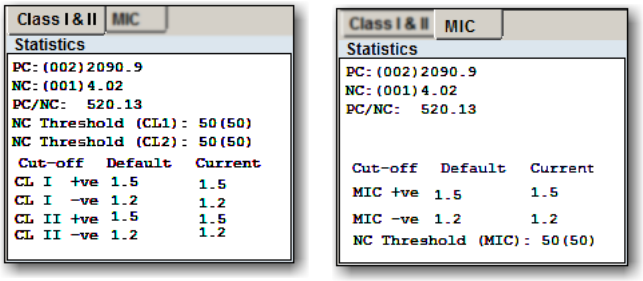
1. Quando for apresentada a Tabela de dados em bruto, clique no botão **Report** Report (Relatório) no canto inferior direito da janela Raw Data Table (Tabela de dados em bruto) para apresentar um relatório dos dados em bruto.

Também pode utilizar o botão **Print Screen** Print Screen (Imprimir ecrã) para exportar os dados.

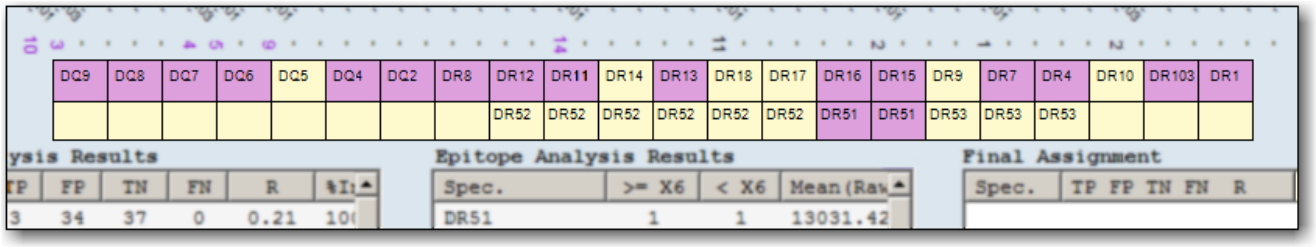
### Tabela Statistics (Estatísticas)

Esta secção da janela de análise mista LABScreen encontra-se no canto inferior esquerdo da janela e apresenta as estatísticas para cada tipo de resultado de rastreio. Os valores apresentados variam conforme o separador de resultados de rastreio que estiver ativo.

**Tabelas de estatísticas mistas LABScreen**




## Barra CREG

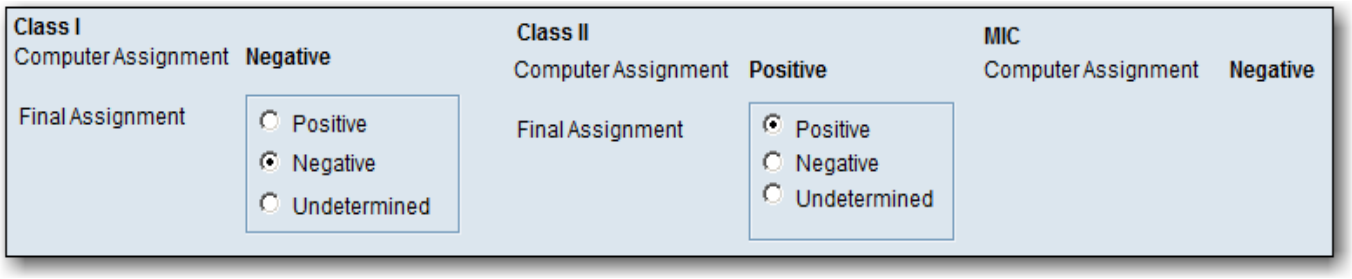

DQ9 DQ8 DQ7 DQ6 DQ5 DQ4 DQ2 DR8 DR12 DR11 DR14 DR13 DR18 DR17 DR16 DR15 DR9 DR7 DR4 DR10 DR103 DR1
DR52 DR52 DR52 DR52 DR52 DR52 DR51 DR51 DR53 DR53 DR53
ysis Results
TP FP TN FN R
3 34 37 0 0.21
Epitope Analysis Results
Spec. >= X6 < X6 Mean(Ra
DR51 1 1 13031.42
Final Assignment
Spec. TP FP TN FN R

### Realizar atribuições

Os botões de opção **Final Assignment** (Atribuição final) apresentam a atribuição sugerida pelo Fusion. Para aceitar a atribuição conforme é apresentada, guarde ou confirme a amostra.

Para modificar a atribuição sugerida, proceda da seguinte forma:

- Na janela de análise, selecione uma atribuição para cada classe utilizando as opções de Final Assignment (Atribuição final): Positive (Positiva), Negative (Negativa) ou Undetermined (Indeterminada).



### Guardar atribuições

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório

- Na janela de análise, clique no botão **Save**

(Guardar), localizado no canto inferior direito da janela de análise, para guardar os resultados da análise para todas as especificidades listadas atualmente no campo **Final Assignments** (Atribuições finais).

Depois de clicar no botão Save (Guardar), o Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte.

Para fins de confirmação, um supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as atribuições. Se for necessário efetuar alterações, pode voltar à amostra em qualquer altura antes da confirmação.

- Clique no botão **Reanalyze**

(Reanalisar) e, em seguida, clique novamente no botão **Save**

(Guardar).

## Confirmar atribuições

Os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. Ao fazê-lo, as amostras são assinaladas como *Confirmed* (Confirmadas).

O botão **Confirm** (Confirmar) é apresentado a **roxo** quando visualiza uma amostra confirmada.

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm**

(Confirmar), localizado no canto inferior direito da janela, para confirmar todos os resultados das análises que foram guardados na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

Após a confirmação, o Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.

Quando voltar pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm**

(Confirmar) está agora sombreado a **roxo** para informar que foi confirmada anteriormente.

## Adicionar comentários às amostras

Os comentários das amostras são apresentados para os resultados da amostra na sessão de análise atual em todas as funções de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

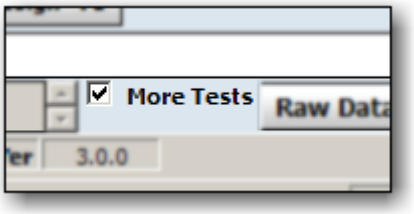
- Na janela de análise, introduza os comentários da amostra no campo **Comment** (Comentário) abaixo da área Assignments (Atribuições).

- Em alternativa, clique duas vezes num dos campos para apresentar uma janela de contexto, que permite introduzir mais carateres de texto.

## Sinalizar uma amostra para testes adicionais

Pode indicar a necessidade de realizar testes adicionais numa amostra selecionando a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes) e guardando. A indicação More Tests (Mais testes) é apresentada nos resultados, procura de dados e relatórios da amostra.

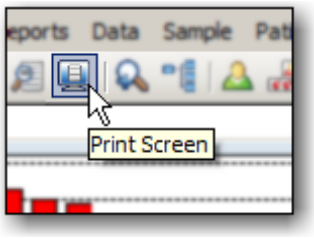
- Na janela de análise, selecione a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes) abaixo da área Assignments (Atribuições) se forem necessários mais testes.




### Imprimir a janela de análise atual

O botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas do Fusion envia a janela de análise atualmente apresentada para a impressora predefinida.

- Na janela de análise, clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas para imprimir o ecrã de análise atual.
- Este é impresso na impressora predefinida que selecionou para este computador.

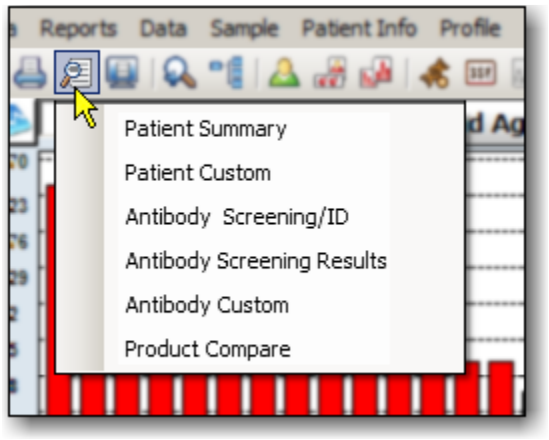



## Pré-visualizar e imprimir relatórios

Para visualizar ou imprimir um relatório de Dados mistos de rastreio de anticorpos para a amostra atual, utilize o botão Preview Report (Pré-visualizar relatório) na barra de ferramentas.

- Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou no botão **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista dos relatórios que pode imprimir ou pré-visualizar para a amostra atual.

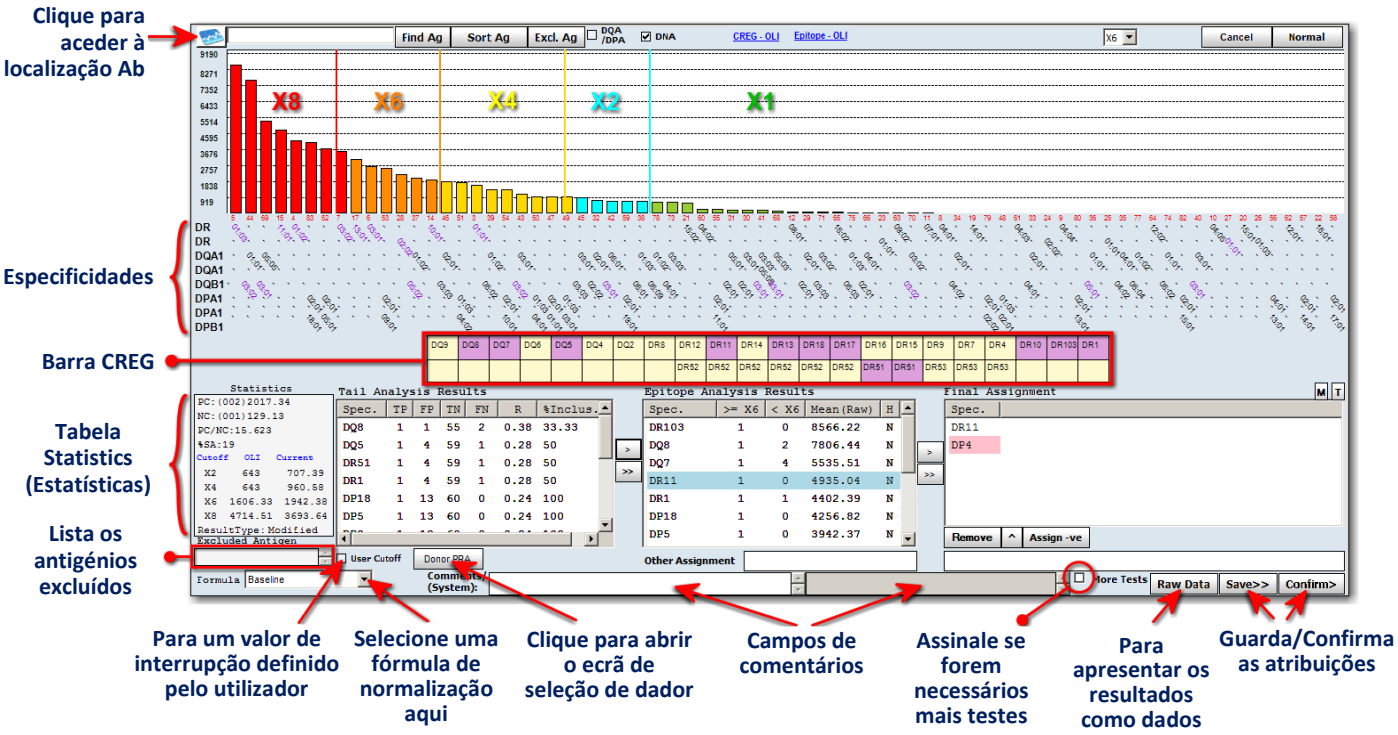
**Relatórios disponíveis para pré-visualização ou impressão**



# Utilizar a janela de análise LABScreen PRA, antigénios simples e Singles

Existem várias tarefas que pode realizar na janela LABScreen para a análise dos produtos PRA, antigénio simples e Singles:

- Rever dados e atribuir especificidades
- Colocar um círculo nos antigénios na tabela de especificidades
- Visualizar especificidades moleculares
- Ajustar valores de interrupção para a amostra
- Visualizar o gráfico de dados em bruto
- Excluir um antigénio da análise
- Ordenar os antigénios para amostras de antigénios simples
- Realizar atribuições de análises caudais ou de epítopos
- Introduzir manualmente uma atribuição
- Atribuir uma amostra como negativa
- Adicionar comentários, assinalar para mais testes e/ou visualizar um relatório para a amostra atual.




Se preferir tornar Graph Raw (Gráfico de dados em bruto) a vista predefinida ao aceder à janela de análise LABScreen, aceda às definições de configuração do produto LABScreen e selecione a caixa de verificação junto a **Display Graph Raw by Default** (Visualizar gráfico de dados em bruto por defeito).

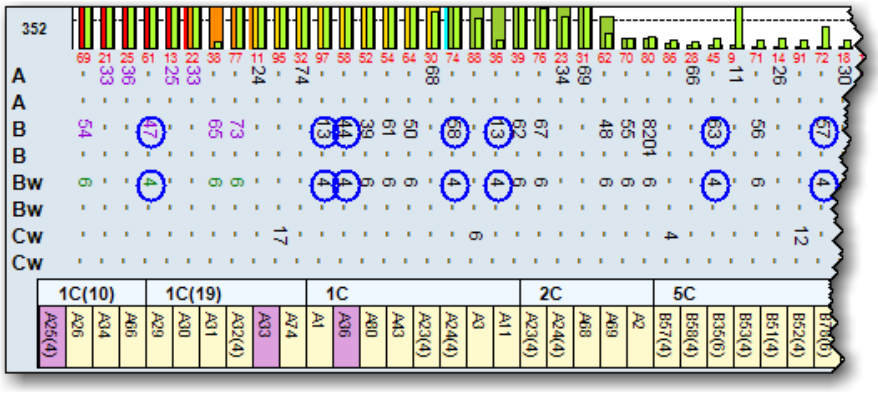
## Tabela CREG

Os **grupos CREG** são apresentados na parte superior da tabela, com as especificidades para o grupo apresentadas abaixo. As especificidades são realçadas numa das seguintes cores.

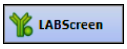
**Nota:** Se pretender ocultar a visualização da barra CREG, clique no título CREG na parte superior da janela. É apresentada uma caixa de diálogo perguntando-lhe se pretende ocultar a barra CREG. Clique em **Yes** (Sim) para a ocultar. Para voltar a visualizá-la, clique novamente no título CREG e clique no botão **Yes** (Sim) para a mostrar.

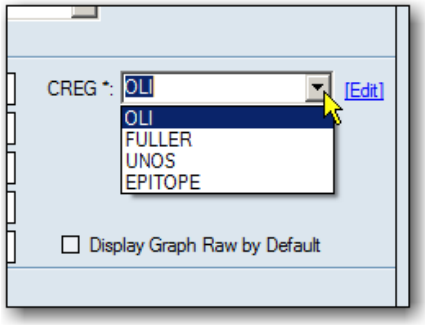
- **Roxo** = Atribuições positivas da caixa Epitope Analysis Results (Resultados da análise de epítopos)
- **Cor de rosa** = Atribuições caudais que são mascaradas pela análise de epítopos
- **Azul** = Atribuições de Cw
- **Verde** = Atribuições de Bw4 e Bw6

- Clique num grupo CREG ou em antigénios para colocar um círculo nas especificidades correspondentes.
- Clique com o botão direito do rato num antigénio para mover a especificidade para a caixa **Final Assignments** (Atribuições finais).




Proceda da seguinte forma se pretender utilizar uma tabela CREG diferente:

- Clique no botão da página inicial do **LABScreen**  ou selecione **Utilities > Antibody Product Configuration > Set Analysis Configuration** (Acessórios > Configuração de anticorpos > Definir a configuração da análise).
- Na página inicial, clique na ligação **Edit** (Editar) para apresentar o menu **Analysis Configuration Settings** (Definições de configuração da análise).
- Selecione uma tabela na lista pendente CREG.
- Clique no botão **Save** (Guardar) **na parte inferior do menu**.




**Nota:** Para obter informações sobre como criar ou editar uma lista de CREG, reveja a secção *Gerir as informações da lista de CREG*.

### Localizar antigénio

Para introduzir vários antigénios, utilize um espaço para separar cada entrada. Todos os antigénios introduzidos são apresentados com um círculo no campo de especificidade.

Clicar nas etiquetas dos campos Tail Analysis Results (Resultados da análise caudal), Epitope Analysis Results (Resultados de análise de epítopos) ou Final Assignment (Atribuição final) coloca círculos em todas as especificidades listadas no campo de resultados selecionado.

Clicar na etiqueta do campo **Excluded Antigen** (Antigénio excluído) coloca um círculo nos antigénios excluídos.

Se utilizar a função Find Antigen (Localizar antigénio) enquanto a janela está a apresentar especificidades moleculares, não é possível ver os antigénios com círculo até anular a seleção da caixa de verificação DNA (ADN).

1. Na janela de análise, introduza os antigénios ou grupos CREG (por ex., 1C ou 2C) no campo junto ao botão **Find Ag** (Localizar antigénio).

2. Clique no botão **Find Ag**

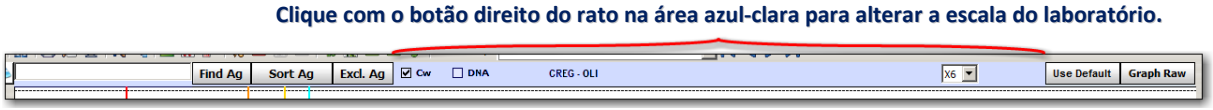
(Localizar antigénio) e o Fusion coloca um círculo nos antigénios ou grupos CREG introduzidos.

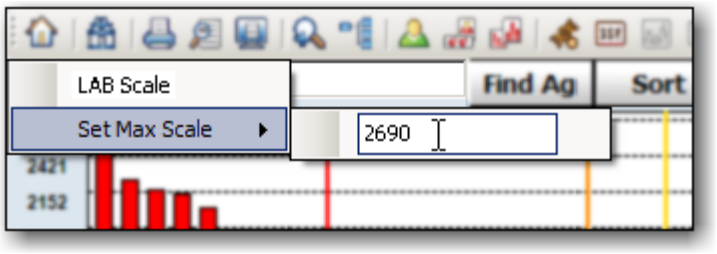
Clique *novamente* no botão **Find Ag** (Localizar antigénio) para remover os círculos dos antigénios no campo de especificidade.

### Alterar a escala do laboratório

O valor máximo para a escala do gráfico de esferas, segundo a linha de base, o utilizador ou a fórmula de dados em bruto, pode ser modificado na janela de análise. Para tal, proceda da seguinte forma:

- Clique com o botão direito do rato na área de fundo da janela de análise, imediatamente acima do valor superior do eixo y do gráfico de esferas.




- Selecione **Set Max Scale** (Definir escala máxima).
- Introduza um novo valor no campo **Scale** (Escala) e prima a tecla **Enter**

no teclado.

  Para voltar ao valor da escala do laboratório, siga os passos acima, mas selecione a opção **LAB Scale** (Escala do laboratório).

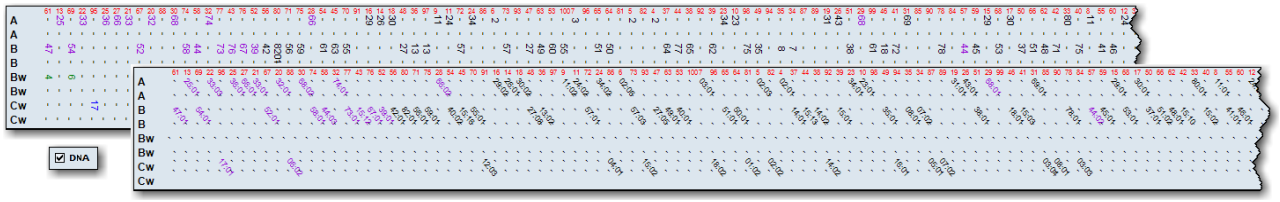
## Visualizar especificidades moleculares

As especificidades moleculares são apresentadas no campo de especificidade da janela de análise e podem ser utilizadas para realizar atribuições de alelos. Os resultados de rastreio são apresentados e guardados como especificidades serológicas.

1. Na janela de análise, selecione a caixa de verificação **DNA** ☑ DNA (ADN) junto à parte superior do ecrã de análise para apresentar as especificidades moleculares.

Anule a seleção da caixa de verificação para voltar às especificidades serológicas.

As especificidades moleculares são apresentadas quando a caixa de verificação DNA (ADN) está selecionada.

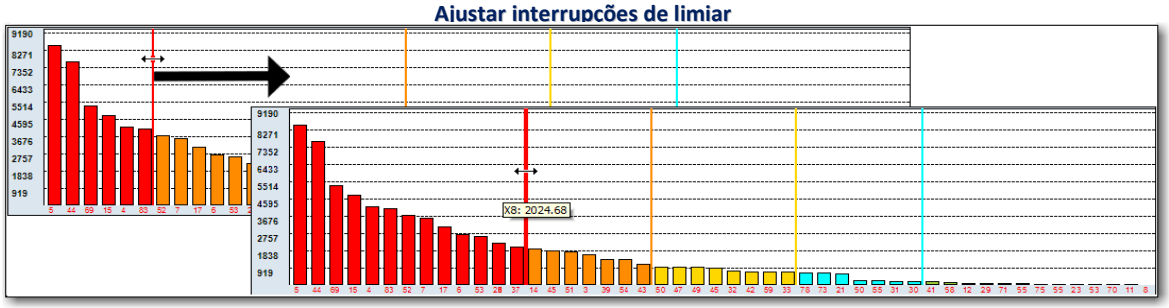



## Ajustar valores de interrupção

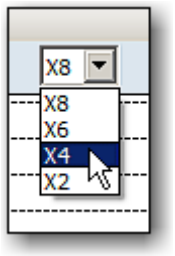
Pode alterar um valor de interrupção de limiar para cada amostra. Pode alterar apenas uma interrupção de limiar de cada vez.

1. Na janela de análise, clique na barra de interrupção que pretende ajustar.
2. Arraste e largue a barra de interrupção para ajustar a interrupção e reanalisar a amostra.

Ajustar interrupções de limiar



### Selecionar o limiar mínimo positivo




Pode alterar o limiar mínimo positivo utilizando o menu pendente acima do gráfico de esferas.

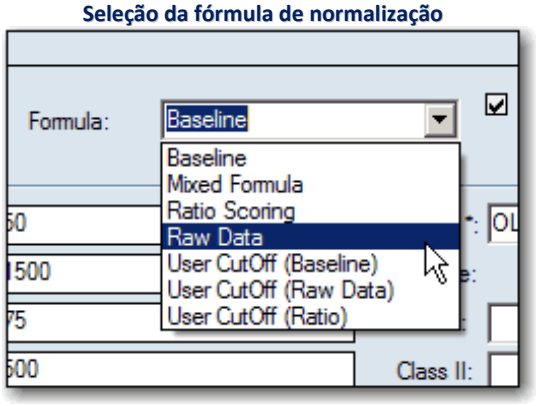
- Na janela de análise, selecione um novo limiar positivo na lista pendente **Threshold** (Limiar) (junto às ferramentas de análise próximo da parte superior da janela). A amostra é reanalisada de acordo com o novo limiar. Os efeitos da alteração do limiar são apresentados nas caixas de resultados.

### Alterar a fórmula de normalização

Por defeito, a análise LABScreen utiliza a fórmula de normalização Baseline (Linha de base). Pode alterar a fórmula de normalização utilizada na análise para qualquer dos seguintes fins: classificação do rácio, dados mistos e dados em bruto. Quando utilizar a fórmula de normalização Raw Data (Dados em bruto), o controlo negativo da amostra é apresentado como uma linha preta no gráfico de reatividade de esferas. As alterações aplicam-se apenas à amostra atual.

- Na janela de análise, selecione uma nova fórmula de normalização na lista pendente **Formula** (Fórmula). A amostra é reanalisada.

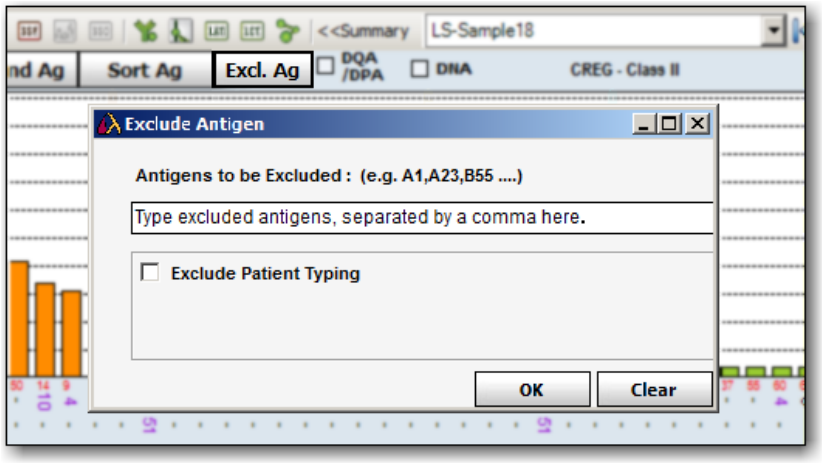
**Seleção da fórmula de normalização**



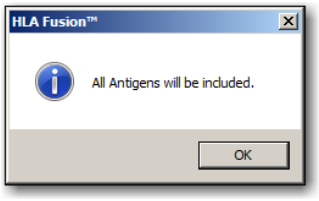

### Excluir antigénio(s) da análise

Todos os antigénios introduzidos são excluídos da análise. Para introduzir vários antigénios, utilize uma vírgula para separar as entradas de antigénios.

1. Na janela de análise, clique no botão **Excl. Ag**. Excl. Ag (Excluir antigénio). É apresentada a caixa de contexto Exclude Antigen (Excluir antigénio).

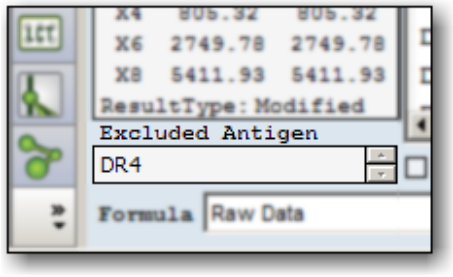



2. Introduza os antigénios a excluir e clique no botão OK.




Se mudar de ideias e clicar no botão Clear (Limpar), as suas entradas serão eliminadas e verá a seguinte mensagem:

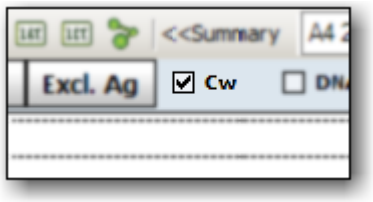
A amostra é reanalisada e os antigénios excluídos são listados no campo Excluded Antigens (Antigénios excluídos) debaixo da caixa de estatísticas da análise.




Para incluir novamente todos estes antigénios, clique de novo no botão **Excl. Ag** (Excluir antigénio), clique no botão **Clear** (Limpar) para remover os antigénios do campo e, em seguida, clique em **OK** para reanalisar com estes antigénios incluídos.

**Nota:** Para excluir também todos os antigénios de tipologia para o paciente associado, selecione a caixa de verificação **Exclude Patient Typing** (Excluir tipologia de paciente).

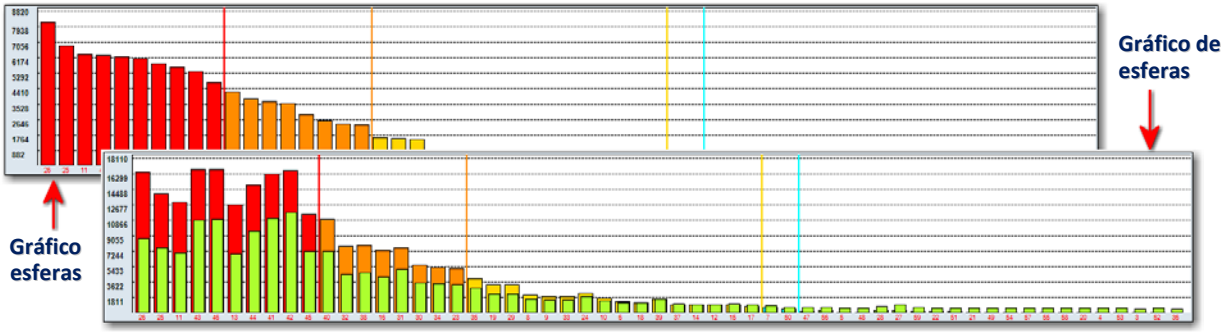
### Incluir/excluir Cw




Pode incluir ou excluir especificidades de antigénios Cw da análise.

1. Próximo da parte superior da janela de análise, selecione a caixa de verificação **Cw** para reanalisar com as especificidades Cw.

Anule a seleção da caixa de verificação **Cw** para reanalisar sem as especificidades Cw.




### Repor as predefinições em todas as opções

Quaisquer alterações que efetuar podem ser repostas com os valores predefinidos.

- Na janela de análise, clique no botão **Use Default** Use Default (Utilizar predefinição) no canto superior direito da janela para repor os valores predefinidos em todas as definições alteradas para esta amostra.
- A amostra é reanalisada com os valores predefinidos.

### Forçar positivo

Se uma amostra tiver uma contagem baixa de esferas, é apresentado o botão **Force +ve** Force +ve (Forçar positivo), que permite forçar um resultado positivo ao recalcular a tolerância de contagens baixas de esferas.

- Para amostras de controlo negativo baixo, clique no botão **Force +ve** Force +ve (Forçar positivo) para analisar a amostra como positiva.

  A amostra é reanalisada.

### Gráfico de dados em bruto

O **gráfico de dados em bruto** apresenta o valor bruto de intensidade média de fluorescência (MFI) de cada esfera sobreposto ao da MFI de soro de NC importado.

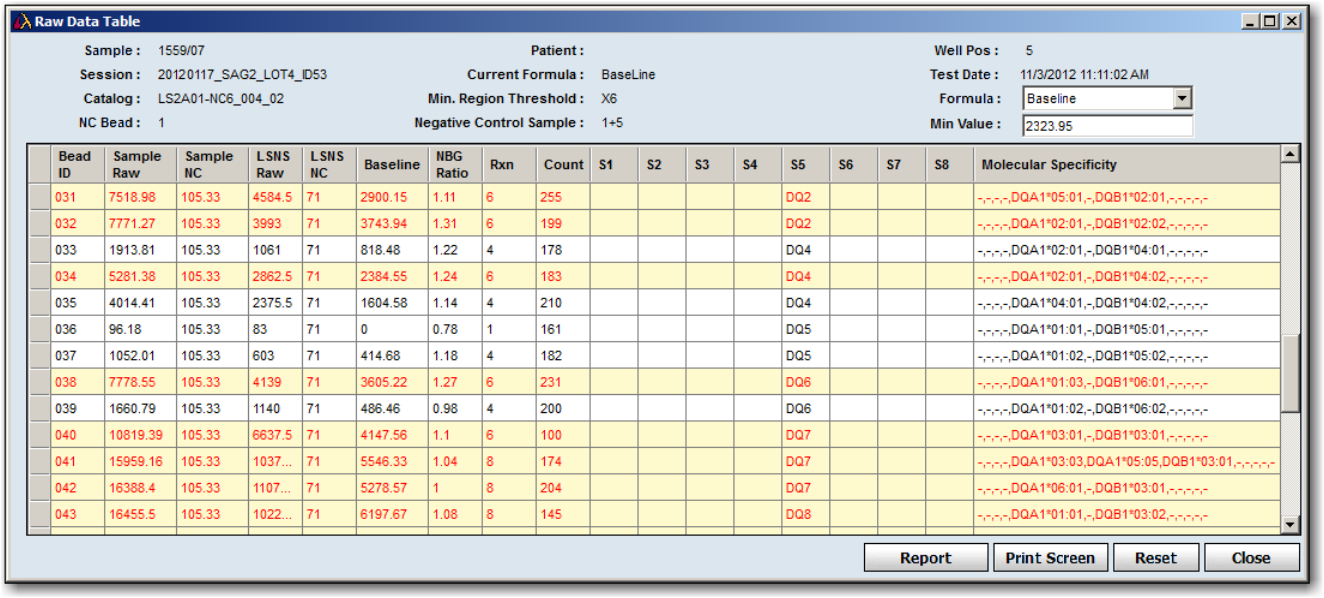
1. Na janela de análise, clique no botão **Graph Raw** Graph Raw (Gráfico de dados em bruto) para apresentar o gráfico de dados em bruto com valores de fundo.

Clique no botão **Normal** Normal para voltar ao gráfico normalizado.

## Tabela de dados em bruto

As esferas positivas são apresentadas em texto vermelho. As linhas realçadas a amarelo apresentam valores normalizados que se situem acima do valor na caixa Min Value (Valor mínimo). As alterações efetuadas na fórmula de normalização e no valor normalizado mínimo aplicam-se apenas à tabela de dados em bruto e não à análise.

1. Na janela de análise, clique no botão **Raw Data** Raw Data (Dados em bruto) no canto inferior direito da janela de análise para apresentar a **Raw Data Table** (Tabela de dados em bruto).




| Bead ID | Sample Raw | Sample NC | LSNS Raw | LSNS NC | Baseline | NBG Ratio | Rxn | Count | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 | Molecular Specificity |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 031 | 7518.98 | 105.33 | 4584.5 | 71 | 2900.15 | 1.11 | 6 | 255 | | | | | DQ2 | | | | -,-,-,-,DQA1*05:01,-,DQB1*02:01,-,-,-,-,- |
| 032 | 7771.27 | 105.33 | 3993 | 71 | 3743.94 | 1.31 | 6 | 199 | | | | | DQ2 | | | | -,-,-,-,DQA1*02:01,-,DQB1*02:02,-,-,-,-,- |
| 033 | 1913.81 | 105.33 | 1061 | 71 | 818.48 | 1.22 | 4 | 178 | | | | | DQ4 | | | | -,-,-,-,DQA1*02:01,-,DQB1*04:01,-,-,-,-,- |
| 034 | 5281.38 | 105.33 | 2862.5 | 71 | 2384.55 | 1.24 | 6 | 183 | | | | | DQ4 | | | | -,-,-,-,DQA1*02:01,-,DQB1*04:02,-,-,-,-,- |
| 035 | 4014.41 | 105.33 | 2375.5 | 71 | 1604.58 | 1.14 | 4 | 210 | | | | | DQ4 | | | | -,-,-,-,DQA1*04:01,-,DQB1*04:02,-,-,-,-,- |
| 036 | 96.18 | 105.33 | 83 | 71 | 0 | 0.78 | 1 | 161 | | | | | DQ5 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:01,-,DQB1*05:01,-,-,-,-,- |
| 037 | 1052.01 | 105.33 | 603 | 71 | 414.68 | 1.18 | 4 | 182 | | | | | DQ5 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:02,-,DQB1*05:02,-,-,-,-,- |
| 038 | 7778.55 | 105.33 | 4139 | 71 | 3605.22 | 1.27 | 6 | 231 | | | | | DQ6 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:03,-,DQB1*06:01,-,-,-,-,- |
| 039 | 1660.79 | 105.33 | 1140 | 71 | 486.46 | 0.98 | 4 | 200 | | | | | DQ6 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:02,-,DQB1*06:02,-,-,-,-,- |
| 040 | 10819.39 | 105.33 | 6637.5 | 71 | 4147.56 | 1.1 | 6 | 100 | | | | | DQ7 | | | | -,-,-,-,DQA1*03:01,-,DQB1*03:01,-,-,-,-,- |
| 041 | 15959.16 | 105.33 | 1037... | 71 | 5546.33 | 1.04 | 8 | 174 | | | | | DQ7 | | | | -,-,-,-,DQA1*03:03,DQA1*05:05,DQB1*03:01,-,-,-,-,- |
| 042 | 16388.4 | 105.33 | 1107... | 71 | 5278.57 | 1 | 8 | 204 | | | | | DQ7 | | | | -,-,-,-,DQA1*06:01,-,DQB1*03:01,-,-,-,-,- |
| 043 | 16455.5 | 105.33 | 1022... | 71 | 6197.67 | 1.08 | 8 | 145 | | | | | DQ8 | | | | -,-,-,-,DQA1*01:01,-,DQB1*03:02,-,-,-,-,- |

**Tabela de dados em bruto do LABScreen PRA/SA**

**Clique num cabeçalho para ordenar a tabela por essa categoria.**

**Nota:** Pode selecionar uma fórmula diferente na lista pendente **Formula** (Fórmula) (entre linha de base, classificação do rácio ou dados em bruto), mas, se o fizer, deve ajustar também o **Min Value** (Valor mínimo) (o valor mais baixo de um positivo para a amostra atual com base no limiar de reação selecionado) de forma a se correlacionar com a nova fórmula.

2. Clique no botão ☒, localizado no canto superior direito da tabela, ou no botão Close Close (Fechar) para sair e voltar à análise.

## Relatório de dados em bruto

Para navegar, exportar e imprimir mais facilmente, pode criar um relatório que contenha informações de dados em bruto para a amostra atual.

1. Quando for apresentada a Tabela de dados em bruto, clique no botão **Report** Report (Relatório) no canto inferior direito da janela Raw Data Table (Tabela de dados em bruto) para apresentar um relatório dos dados em bruto.

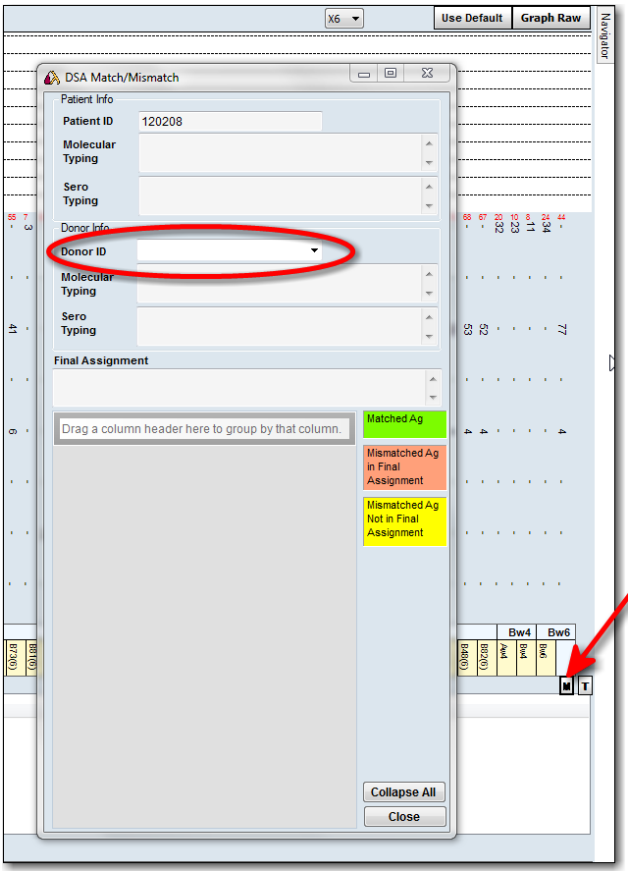
### **Visualizar correspondência/não correspondência de DSA** (antigénio específico do dador)

Ao clicar no botão M, pode visualizar todas as informações de correspondência/não correspondência de DSA para o paciente associado a esta amostra e o(s) dador(es) associado(s) ao paciente.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Se não tiver um paciente associado a esta amostra, receberá uma mensagem de aviso e não será possível visualizar quaisquer informações de correspondência/não correspondência de DSA enquanto não associar um paciente à amostra e pelo menos um dador ao paciente. |

Para visualizar as informações, proceda da seguinte forma:

1. Clique no botão M (junto ao botão T do lado direito). Se tiver um paciente associado a esta amostra, é apresentada a janela DSA Match/Mismatch (Correspondência/Não correspondência de DSA).




Se necessário, selecione outro dador na lista pendente **Donor ID** (ID de dador).

Utilize os botões ✚ ou - para expandir ou colapsar a tabela.

As cores da tabela têm os seguintes significados:

- **Verde**: representa uma correspondência de antigénio.
- **Laranja**: representa uma não correspondência de antigénio que foi confirmada na atribuição final.
- **Amarelo**: representa uma não correspondência de antigénio que ainda não foi confirmada na atribuição final.

### Adicionar comentários às amostras

Os comentários que o utilizador ou o sistema Fusion adicionam no campo Comments (Comentários) são apresentados com os resultados das amostras nas funções atuais de sessão de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

1. Na janela de análise, introduza os comentários da amostra no campo **Comment** (Comentário) abaixo da área Assignments (Atribuições).

Os comentários são guardados quando clica em **Save** (Guardar).

### Sinalizar uma amostra para testes adicionais

Pode indicar a necessidade de realizar testes adicionais numa amostra selecionando a caixa de verificação **More Tests** ☑ (Mais testes) e guardando.

A indicação More Tests (Mais testes) é apresentada nos resultados, procura de dados e relatórios da amostra.

- Na janela de análise, assinale a caixa de verificação **More Tests**

(Mais testes), localizada abaixo da área Assignments (Atribuições).
- É apresentada a janela Test Selection (Seleção de testes).
- Selecione as caixas de verificação junto aos testes adicionais que pretende executar.
- Introduza um nome para a lista de testes que está a criar.
- Clique em **Save** (Guardar) para guardar a lista de testes e voltar à janela de análise.

### Imprimir a janela de análise atual

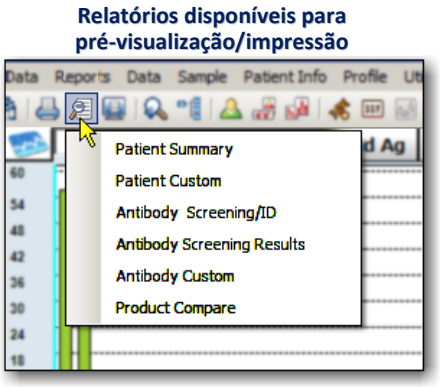
O botão Print Screen (Imprimir ecrã) imprime a janela de análise atualmente apresentada.

- Na janela de análise, clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas para imprimir o ecrã de análise atual.

### Pré-visualizar e imprimir relatórios

Para visualizar ou imprimir um relatório para a amostra atual, utilize o botão Preview Report (Pré-visualizar relatório) na barra de ferramentas.

- Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou no botão **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista dos relatórios que pode imprimir ou pré-visualizar para a amostra atual.




| | |
|---|---|
| **Nota:** | Se selecionar Custom Antibody (Anticorpo personalizado), não é possível criar um novo relatório personalizado nesse momento. Os únicos relatórios personalizados disponíveis na janela de análise são os anteriormente criados através da janela **Reports** (Relatórios). |

### Realizar atribuições finais

As atribuições finais podem ser realizadas a partir dos campos de resultados Tail (Caudal) (não se aplica a amostras Singles LABScreen) ou Epitope (Epítopo).

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Se pretender que a média de positivos (normal) seja utilizada na análise de epítopos em vez da média de positivos (em bruto), assinale a definição **Use the Mean of Normal** (Utilizar a média normal) nos ecrãs de configuração dos produtos LABScreen PRA, antigénio simples e Singles. |

Na janela de análise, proceda de uma das seguintes formas para realizar atribuições:

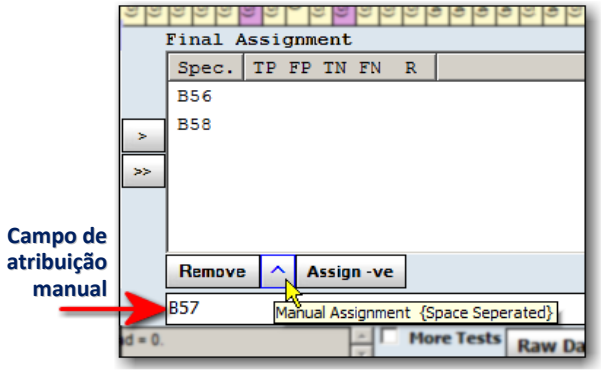
- Clique duas vezes numa especificidade de um antigénio na caixa de resultados **Tail** (Caudal) ou **Epitope Analysis** (Análise de epítopos) para atribuir o antigénio especificado à lista **Final Assignment** (Atribuição final).
- Clique na especificidade para a realçar e clique no botão **Assign Single** (Atribuir simples) para a mover para a lista **Final Assignment** (Atribuição final).

  Clique no botão Assign All (Atribuir tudo) do lado direito da lista Tail (Caudal) ou Epitope (Epítopo) para mover todos os resultados atuais nessa lista para a área Final Assignments (Atribuições finais).
- Clique com o botão direito do rato numa especificidade ou grupo CREG na Tabela CREG para a atribuir à área **Final Assignments** (Atribuições finais).

### Atribuições manuais

É possível introduzir atribuições manuais no campo abaixo da caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais). Introduza várias atribuições manuais em simultâneo ao deixar um espaço entre cada especificidade.

1. Na janela de análise, introduza uma atribuição de especificidade de antigénio manual no campo por baixo da caixa **Final Assignment** (Atribuição final).




2. Clique no botão Assign (Atribuir) (⮝), imediatamente acima do campo Manual Assignment (Atribuição manual), ou prima a tecla **Enter** Enter para adicionar a atribuição à caixa de resultados **Final Assignment** (Atribuição final).

### Atribuir valores negativos a amostras

É possível atribuir um valor negativo a uma amostra, mesmo que a análise apresente alguns resultados positivos.

- Na janela de análise, clique no botão **Assign –ve** Assign -ve (Atribuir valor negativo) (localizado imediatamente acima do campo Manual Assignment [Atribuição manual]) para forçar a amostra a apresentar um valor negativo.

### Remover atribuições

É possível remover especificidades da caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais). Pode remover mais de uma especificidade ao manter premida a tecla Ctrl e ao clicar em cada especificidade que pretende remover.

- Na janela de análise, clique nas especificidades para as realçar na lista Final Assignment (Atribuição final) (mantenha premida a tecla **Ctrl** Ctrl para selecionar mais de uma) e clique no botão **Remove** Remove (Remover) (localizado abaixo da caixa de resultados Final Assignments [Atribuições finais]).

### Guardar atribuições

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório.

- Na janela de análise, clique no botão **Save**

(Guardar), localizado no canto inferior direito da janela de análise, para guardar os resultados da análise para todas as especificidades listadas atualmente no campo **Final Assignments** (Atribuições finais).

O Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte.

Para fins de confirmação, um supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as atribuições. Se for necessário efetuar alterações, pode voltar à amostra em qualquer altura antes da confirmação. Clique no botão **Reanalyze** (Reanalisar) e, em seguida, clique novamente no botão **Save** (Guardar).

### Confirmar atribuições

Os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. Ao fazê-lo, as amostras são assinaladas como *Confirmed* (Confirmadas). O botão **Confirm** (Confirmar) é apresentado com a cor **roxa** quando visualiza uma amostra confirmada.

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm**

(Confirmar), localizado no canto inferior direito da janela, para confirmar todos os resultados das análises que foram guardados na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

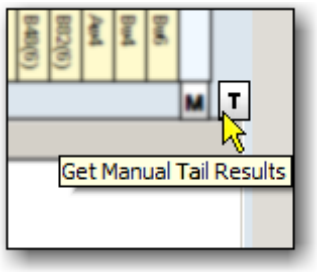
  O Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.

Quando voltar pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm**

(Confirmar) está agora sombreado a **roxo** para informar que foi confirmada anteriormente.

### Obter valores de análise caudal (*exceto para* Singles)

Os valores de análise caudal podem ser apresentados na análise no campo de resultados Final Assignments (Atribuições finais), mas não são armazenados para fins de procura ou criação de relatórios.




- Na janela de análise, clique no botão T , localizado no canto superior direito da caixa de resultados Final Analysis (Análise final), para apresentar os valores de análise caudal na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

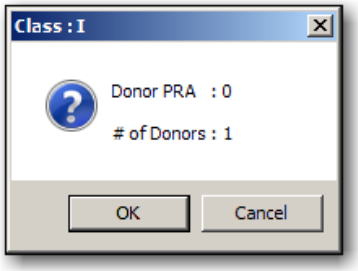
**PRA do dador** (*exceto para Singles*)

Pode apresentar a percentagem de PRA do dador disponíveis no sistema ou de grupos de dadores selecionados que correspondam aos anticorpos atribuídos por computador para a amostra atual.

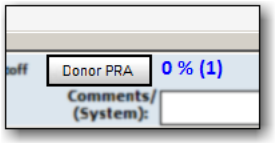
**Nota:** Para selecionar um dador ou grupos de dadores, clique no botão **Donor PRA** (PRA do dador). Também pode selecionar grupos automaticamente selecionando **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais). Para criar um grupo de dadores, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações do paciente > Gerir paciente), seguido de **Donor** (Dador) no campo Patient/Donor (Paciente/Dador) e preencha o campo do grupo de dadores.

1. Para a análise de antigénio simples ou PRA, clique no botão **Donor PRA**

(PRA do dador). Uma janela de contexto apresenta a percentagem de PRA do dador correspondentes e o número total de dadores que foi considerado no cálculo.




Clique em **OK** para fechar a caixa. A percentagem e o número de dadores continuam a ser apresentados junto ao botão **Donor PRA** (PRA do dador).



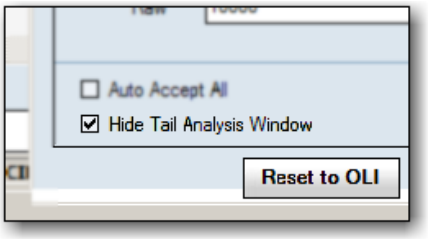

**Selecionar interrupções de limiar mínimo positivo** (*exceto para* Singles)

Pode definir as interrupções de limiar mínimo positivo a utilizar em qualquer amostra LABScreen PRA ou de antigénio simples. Para definir as interrupções para X8 - X2, reveja a secção *Alterar a configuração da análise de rastreio de anticorpos*. Pode alternar entre as interrupções fornecidas pela OLI e as definidas através do Fusion procedendo da seguinte forma:

- Para selecionar interrupções definidas pelo utilizador, selecione a caixa de verificação junto a User Cutoff (Interrupção definida pelo utilizador).
- Para voltar a utilizar as interrupções da OLI, anule a seleção da caixa de verificação User Cutoff (Interrupção definida pelo utilizador).

### **Ocultar valores de análise caudal** (antigénio simples)

Pode optar por ocultar a visualização dos valores de análise caudal da análise de amostras de antigénios simples, mas estes valores permanecem armazenados para fins de procura ou criação de relatórios.




1. Selecione a opção de menu **Utilities > Antibody Product Configuration > Set Analysis Configuration** (Acessórios > Configuração de anticorpos > Definir a configuração da análise).
2. Selecione **LABScreen Single Antigen** (Antigénio simples LABScreen) no menu pendente Product Type (Tipo de produto) na parte superior da janela.
3. Selecione a caixa de verificação **Hide Tail Analysis Window** (Ocultar janela de análise caudal), localizada na parte inferior da caixa de diálogo de configuração do antigénio simples.
4. Clique no botão Save (Guardar) na parte inferior do menu**.**



As amostras de antigénios simples LABScreen importadas após a alteração desta configuração não apresentam a área de atribuição da análise caudal na janela de análise da amostra.

### **Navegar entre classe I e classe II** (PRA de classe I e II combinadas)

Para sessões de LABScreen PRA de classe I e II combinadas, cada classe é analisada separadamente e tem de ser guardada separadamente para que os resultados combinados sejam apresentados na base de dados.

Certifique-se de que já criou um catálogo LABScreen PRA combinado de classe I e II antes de importar as sessões combinadas.

- Na janela de análise, clique nos botões ***Run Class I*** (Executar classe I) e ***Run Class II*** (Executar classe II), localizados na parte superior esquerda da janela de análise, para alternar entre os resultados da classe I e classe II para a amostra atual.



### **Ordenar antigénios** (antigénio simples)

Os tabuleiros de antigénios simples podem ser ordenados por <u>especificidade</u> em vez do valor de reação.

1. Para a análise de antigénios simples, clique no botão **Sort Ag**. (Ordenar antigénios).



O gráfico é ordenado pelo número de esferas.

2. Clique no botão **Refresh** Refresh (Atualizar) para voltar ao gráfico predefinido.

A análise de lotes mistos LABScreen permite analisar rapidamente uma sessão e guardá-la para revisão posterior e atribuições finais. Não é possível visualizar graficamente as amostras durante a análise de lotes e não são realizadas atribuições finais de rastreio.

- Analise uma sessão por lotes
- Visualize o relatório de análise de lotes
- Guarde os resultados da análise

## Visão geral

Depois de realizar a análise do lote, é apresentado o relatório da análise do lote LABScreen. Os resultados podem ser guardados, mas têm de ser confirmados individualmente.

## Guardar análise do lote

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises de lotes para rever e aprovar posteriormente. As amostras são assinaladas como *Ready* (Pronta).

1. Clique em **Save>>** (Guardar>>) na parte inferior do menu de relatório para guardar todas as amostras na base de dados.

2. Clique em **Exit** (Sair) para fechar e voltar ao menu principal.

## Rever/analisar amostras

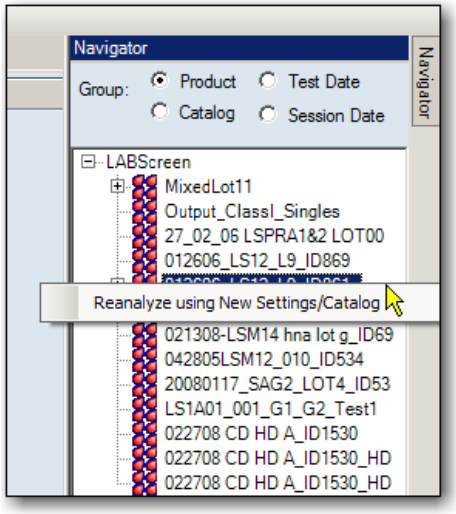
Para que possa visualizar resultados de lote em maior detalhe depois de guardar, o botão Analyze (Analisar) apresenta a sessão na janela de análise. É necessário guardar cada amostra individualmente se não guardar a sessão de análise do lote antes de rever os resultados de lote.

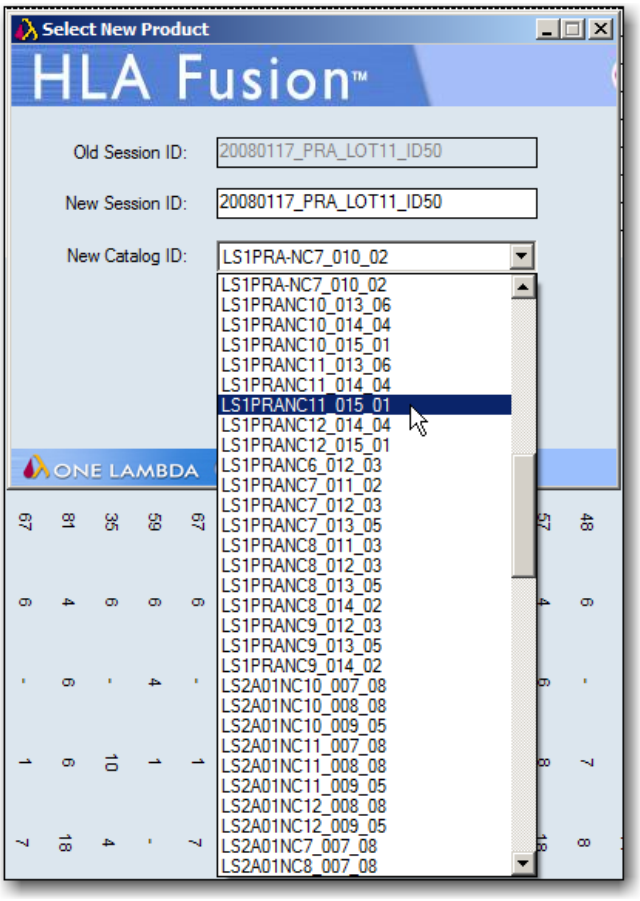
# Opções do menu do botão direito do rato do Navigator (Navegador) para LABScreen

**Nota:** Estas opções aplicam-se a todas as sessões e amostras LABScreen.

Existem opções de análise no Navigator (Navegador) – dependendo se se encontra na vista de resumo da sessão LABScreen ou num ecrã de análise para uma amostra.

Ao clicar com o botão direito do rato na sessão atual na janela Navigator (Navegador), verá opções do menu que lhe permitem afetar as suas sessões de análise LABScreen antes ou durante a análise.




**Reanalisar com novas definições/novo catálogo**

Permite reanalisar a sessão utilizando novas definições ou um catálogo atualizado. Eis como:

1. Clique na seta pendente no campo **New Catalog ID** (ID de novo catálogo) e selecione um novo catálogo da lista.

2. Altere o nome da sessão (as sessões devem ter nomes exclusivos).

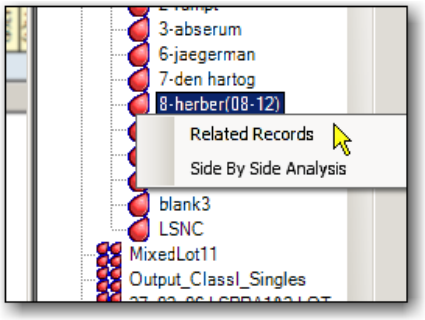
3. Clique no botão **Analysis**

(Análise). A sessão na qual clicou com o botão direito do rato é reanalisada com o catálogo que selecionou.

## Opções ao nível da amostra

Existem duas opções de menu que são apresentadas se clicar com o botão direito do rato numa amostra ativa no Navigator (Navegador) (selecione primeiro a amostra clicando com o botão esquerdo do rato):

**Opções do Navigator (Navegador) ao nível da amostra**




### Registos relacionados

Um registo relacionado é um registo que está associado à amostra atual através da ID de paciente ou da ID de amostra.

**Nota:** Esta opção está disponível também ao utilizar o botão da barra de ferramentas **Related Records** (Registos relacionados) .

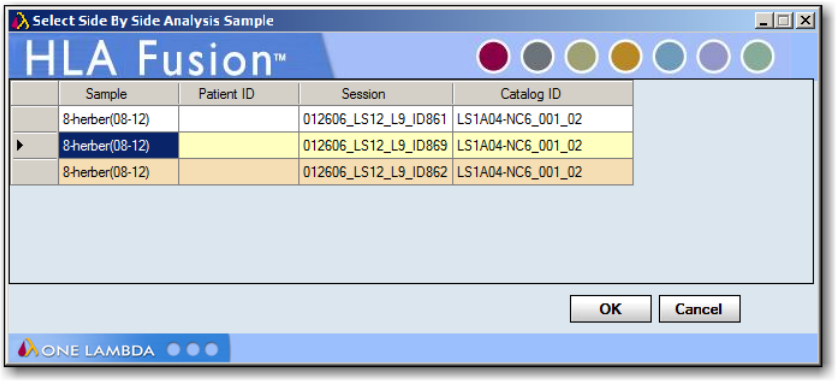
- Clique com o botão direito do rato numa amostra do Navigator (Navegador) e selecione **Related Records** (Registos relacionados) para carregar todos os registos relacionados com a amostra atual na lista pendente Sample (Amostra) na parte superior do ecrã. Utilize as setas de navegação da amostra para apresentar a análise de cada registo relacionado um por um.
- Para voltar a visualizar as amostras nas sessões atuais, clique na ligação **<<Summary** (Resumo) na parte superior da janela.

### Análise lado a lado

Utilize esta opção para comparar a análise da amostra atual com a anteriormente realizada.

**Nota:** Esta opção também está disponível ao utilizar o botão da barra de ferramentas **Side-By-Side Analysis**  (Análise lado a lado).

**Lista de seleção de análise lado a lado**



- Clique com o botão direito do rato numa amostra do Navigator (Navegador) e selecione **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado). Selecione uma análise de amostra anterior na lista apresentada para a comparar com a atual. (A amostra atual é apresentada com um fundo **castanho**-claro.)

- Em seguida, as duas janelas de análise são apresentadas em conjunto numa janela de comparação.

- Cada painel da janela pode ser redimensionado e movido independentemente arrastando e largando. Clique no botão **Side-by-side Analysis** (Análise lado a lado) da barra de ferramentas para cancelar a apresentação da comparação.

# Análise LAT

A função de análise LAT™ do programa analisa os ficheiros de saída CSV, padrões de reação introduzidos manualmente ou resultados ELISA como uma nova sessão e pode continuar a análise de uma sessão anteriormente inacabada. Os resultados da análise baseiam-se nas especificações do catálogo fornecidas com o software.

Existem alguns pontos que devem ser concluídos ou verificados antes de iniciar uma sessão de análise:

- Certifique-se de que dispõe dos ficheiros de catálogo mais recentes antes de analisar. Poderá transferir ou atualizar catálogos na página inicial do LAT clicando em [Download].
- Visualize e modifique as definições globais de configuração do produto antes de iniciar a análise. As definições globais são apresentadas e podem ser modificadas na página inicial do LAT clicando em [Edit] ou através do menu Utilities (Acessórios). As definições globais aplicam-se a todas as novas sessões importadas.
- Poupe tempo ao importar ficheiros CSV verificando se os URLs e os caminhos predefinidos indicam os locais onde estes ficheiros são normalmente armazenados no seu sistema ou rede. Estas definições podem ser modificadas na secção **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais) da página inicial predefinida do Fusion.

**Nota:** Algumas das tarefas acima requerem privilégios de Supervisor. Poderá ter de verificar junto do seu supervisor se estas tarefas foram concluídas.

# Iniciar a análise LAT

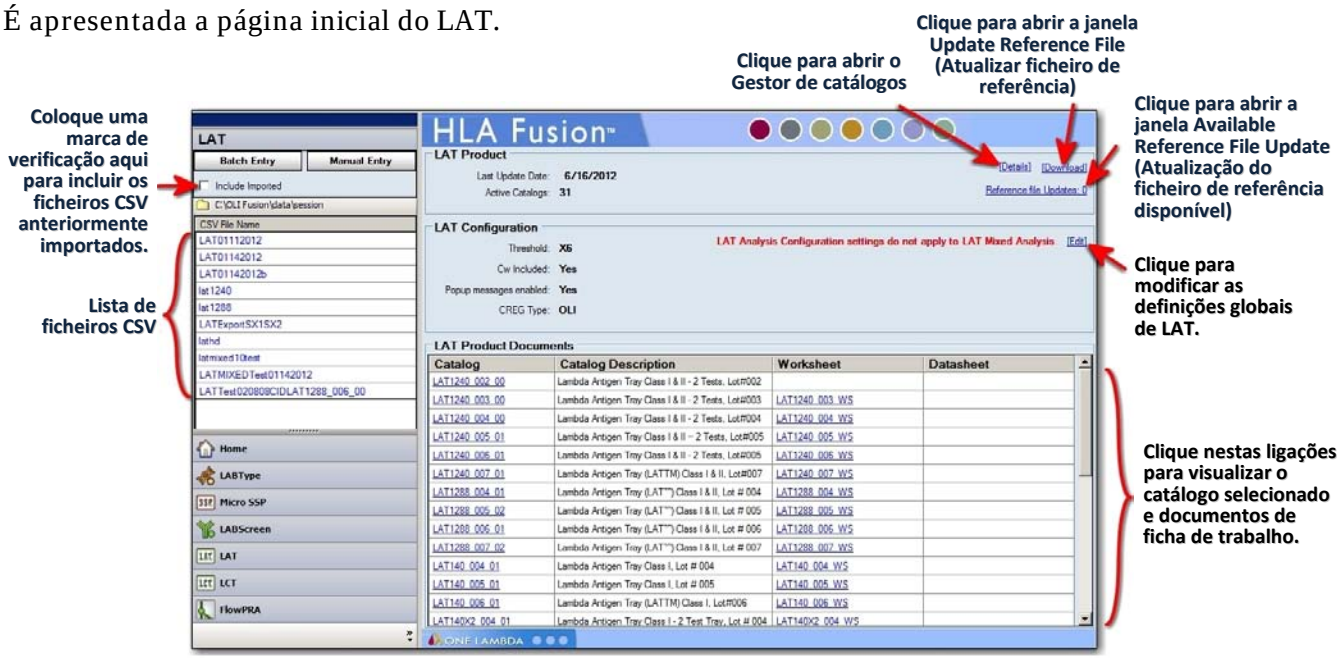
## Adquirir dados da sessão LAT

Existem quatro métodos básicos para importar dados da sessão para análise LAT no HLA Fusion:

1. **Introdução manual**▶ os dados de apenas uma sessão são manualmente introduzidos no teclado.
2. **Introdução de lote**▶ os dados de várias sessões são manualmente introduzidos numa série.
3. **Ficheiro CSV**▶ um ficheiro CSV devidamente formatado é diretamente importado no Fusion para análise LAT.
4. **ELISA**▶os dados da análise são lidos diretamente do leitor ELISA Biotek ELX 800.

Clique no botão **LAT** LAT do painel da página inicial ou no ícone **LAT** na barra de ferramentas do Fusion para abrir o programa LAT.

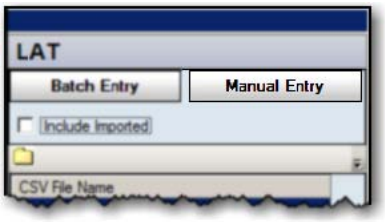
É apresentada a página inicial do LAT.


Clique para abrir o Gestor de catálogos
Clique para abrir a janela Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência)
Clique para abrir a janela Available Reference File Update (Atualização do ficheiro de referência disponível)
Coloque uma marca de verificação aqui para incluir os ficheiros CSV anteriormente importados.
Lista de ficheiros CSV
Clique para modificar as definições globais de LAT.
Clique nestas ligações para visualizar o catálogo selecionado e documentos de ficha de trabalho.
HLA Fusion
LAT
Batch Entry
Manual Entry
Include Imported
LAT Product
LAT Configuration
LAT Product Documents
Catalog
Catalog Description
Worksheet
Datasheet

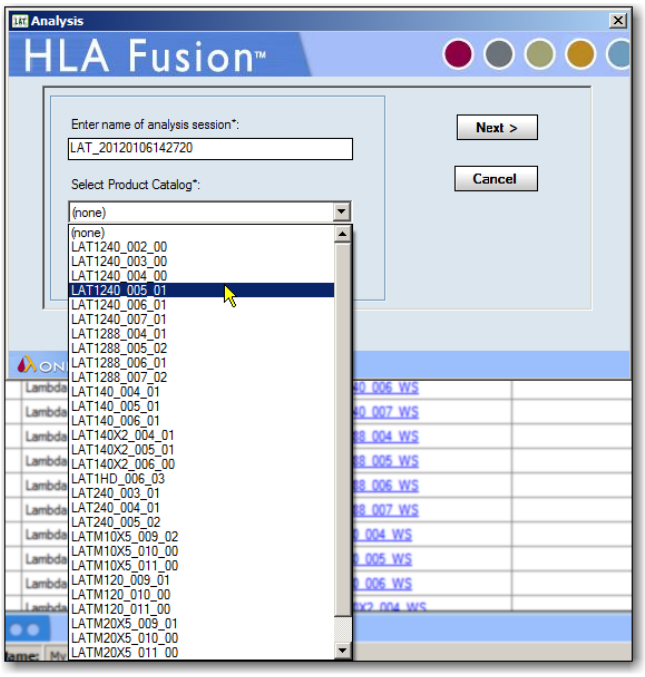
**Nota:** Abra as fichas de trabalho para verificar a exatidão dos números de revisão (*estes documentos não contêm um número de revisão no respetivo nome de ficheiro*).

## Introdução manual de uma única sessão

Para introduzir manualmente uma <u>única</u> <u>sessão</u> para análise LAT, proceda da seguinte forma:



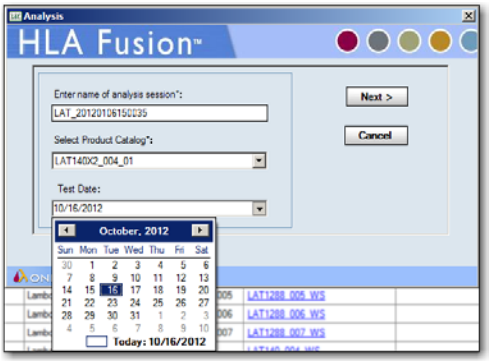

1. Clique no botão **Manual Entry** (Introdução manual) na parte superior do painel inicial do LAT.




2. No campo de texto superior da janela seguinte, introduza um nome <u>exclusivo</u> para a sessão de análise LAT que acaba de introduzir manualmente.

3. Clique na **seta para baixo▼** do campo **Select Product Catalog** (Selecionar catálogo de produtos) e selecione o catálogo de produtos LAT apropriado.

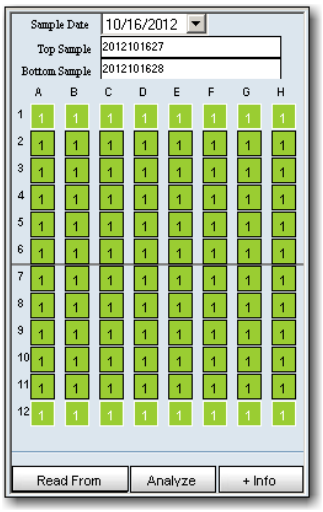
4. Em seguida, introduza a **Test Date** (Data de teste) correta ou clique na **seta para baixo▼** para revelar o calendário de contexto e selecionar a data de teste.




5. Clique no botão **Next** (Seguinte).



É apresentado o menu Data Input (Introdução de dados).




Este permite introduzir valores de reação para uma nova amostra.

Pode introduzir as amostras e reações numa sessão — um tabuleiro de 10 testes ou um tabuleiro de 20 testes. Os dados podem ser introduzidos manualmente clicando em cada poço ou obtendo os valores de dados em bruto de um leitor ELISA.

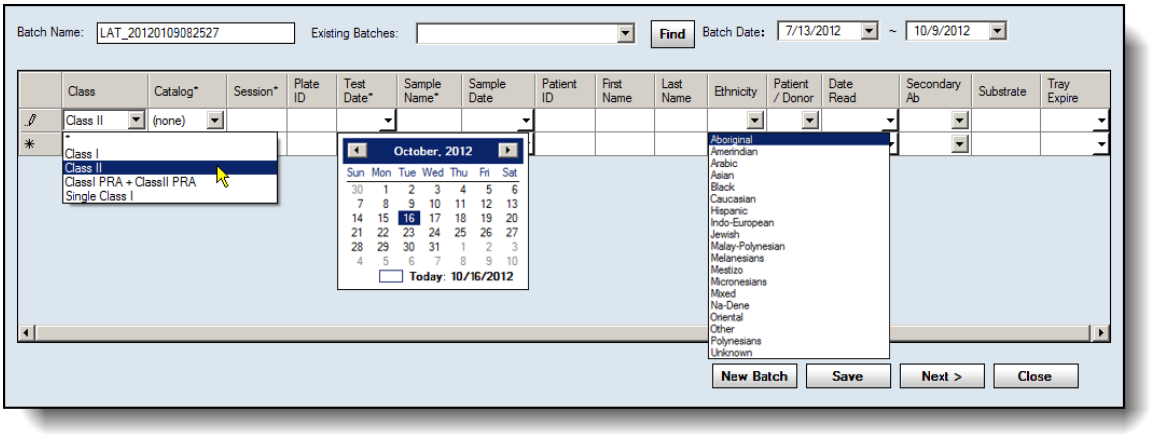
6. Introduza um ou mais **Nomes de amostras**. É necessário um Nome de amostra exclusivo para a análise. A Sample Date (Data de amostra) pode ser alterada aqui se necessário.

## Introdução manual de lote

Para introduzir manualmente mais do que uma sessão para análise, proceda da seguinte forma:

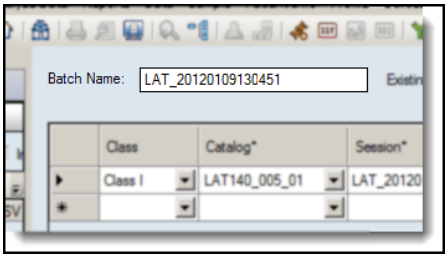
1. Clique no botão **Batch Entry** (Introdução de lote).

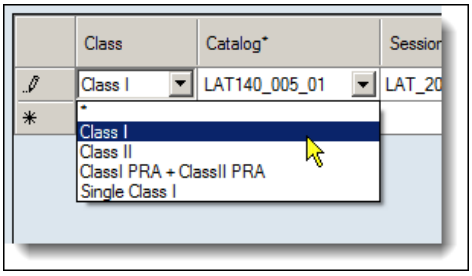
É apresentado um ecrã **Session Summary** (Resumo da sessão) em branco.




Contrariamente à Introdução manual, que se limita a uma sessão apenas, a Introdução de lote permite introduzir um grupo de sessões no ecrã Session Summary (Resumo da sessão). Isto permite introduzir dados sob formato de uma tabela, em que cada linha representa uma sessão.

2. Introduza um nome exclusivo para este lote ou aceite o nome de lote predefinido sugerido pelo Fusion.



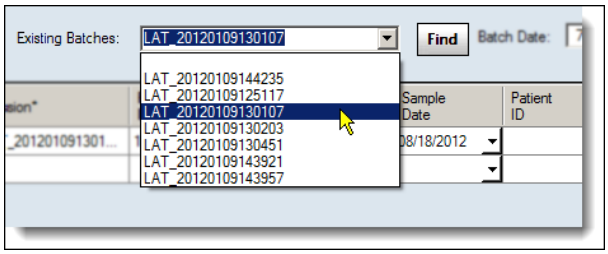




3. Selecione manualmente e/ou introduza os dados da sessão com a classe HLA (I, II, PRA de classe I + PRA de classe II e classe simples I) do lado esquerdo do ecrã Session Summary (Resumo da sessão) e continue para a direita até terem sido introduzidos todos os dados disponíveis para uma sessão.

Os campos com um asterisco (✱) são obrigatórios. Isto inclui os campos preenchidos através de listas pendentes (**Catalog Name** [Nome de catálogo] e **Test Date** [Data de teste]) e a **Session ID** (ID de sessão).

Continue a introduzir os dados da sessão conforme necessário. Note que, assim que tiver introduzido dados para uma sessão e começar a introduzir os dados para a sessão seguinte, não pode voltar à linha anterior de dados da sessão. No entanto, depois de ter sido guardado, é possível reabrir e editar um lote.

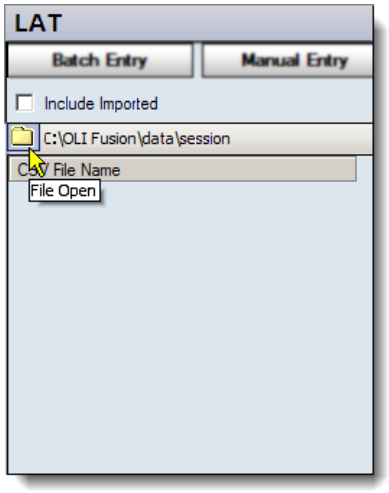
4. Quando tiverem sido introduzidos todos os dados para um lote de sessões, clique no botão **Save** Save (Guardar) na parte inferior do ecrã. O lote foi guardado e é incluído na lista pendente **Existing Batches** (Lotes existentes) na parte superior do ecrã.



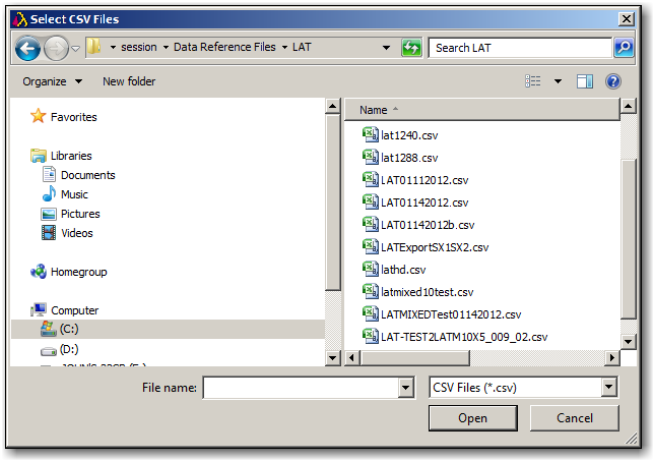

5. Quando tiver terminado de introduzir os dados da sessão para este lote, clique no botão **Next** Next > (Seguinte).

Tal como a Introdução manual de dados da sessão discutida anteriormente, são apresentados o menu Data Input (Introdução de dados) e a janela principal de análise LAT.

## Importar ficheiros CSV no LAT

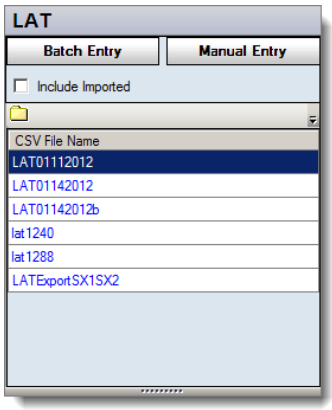



1. Clique no ícone de **pasta** para abrir a lista **Select CSV Files** (Selecionar ficheiros CSV).




2. Selecione uma ou mais sessões na lista **Select CSV Files**.

3. Clique no botão **Open** Open (Abrir).

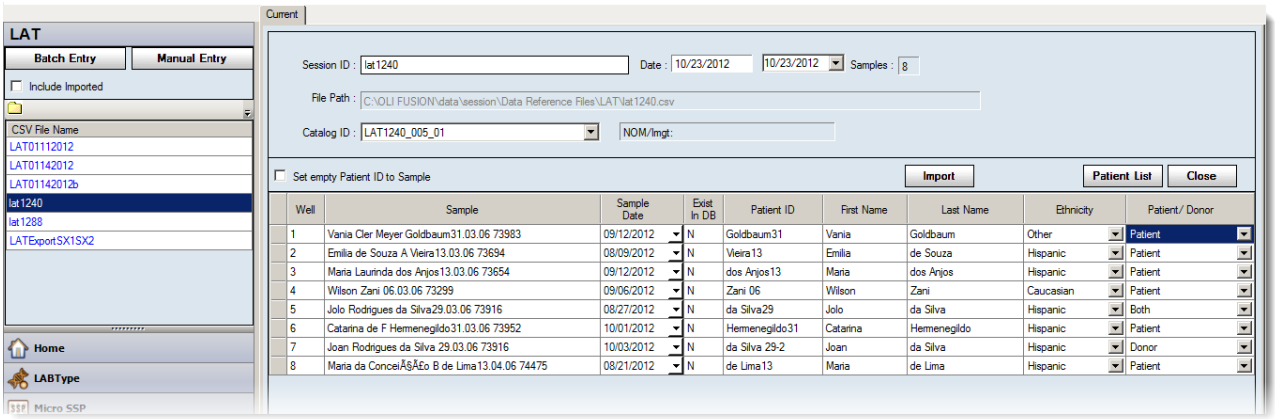



Os ficheiros CSV são então apresentados na lista CSV File Name (Nomes de ficheiros CSV).

**Nota:** Poderá ver ficheiros CSV de produtos que não os do LAT ou outros ficheiros CSV. Isto significa que deverá clicar primeiro numa subpasta do LAT ou que os seus ficheiros de sessão LAT não se encontram no diretório indicado pelo HLA Fusion.

4. Clique num ficheiro CSV para apresentar as suas amostras associadas na tabela **Current Sample/Patient Details** (Detalhes de amostras/pacientes atuais).

**Tabela de detalhes de amostras/pacientes atuais**


LAT
Batch Entry
Manual Entry
Include Imported
CSV File Name
LAT01112012
LAT01142012
LAT01142012b
lat1240
lat1288
LATExportSX1SX2
Home
LABType
Micro SSP
Current
Session ID : lat1240
Date : 10/23/2012
10/23/2012
Samples : 8
File Path : C:\OLI FUSION\data\session\Data Reference Files\LAT\lat1240.csv
Catalog ID : LAT1240_005_01
NOM/Imgt:
Set empty Patient ID to Sample
Import
Patient List
Close
Well | Sample | Sample Date | Exist In DB | Patient ID | First Name | Last Name | Ethnicity | Patient/ Donor
1 | Vania Cler Meyer Goldbaum31.03.06 73983 | 09/12/2012 | N | Goldbaum31 | Vania | Goldbaum | Other | Patient
2 | Emilia de Souza A Vieira13.03.06 73694 | 08/09/2012 | N | Vieira13 | Emilia | de Souza | Hispanic | Patient
3 | Maria Laurinda dos Anjos13.03.06 73654 | 09/12/2012 | N | dos Anjos13 | Maria | dos Anjos | Hispanic | Patient
4 | Wilson Zani 06.03.06 73299 | 09/06/2012 | N | Zani 06 | Wilson | Zani | Caucasian | Patient
5 | Jolo Rodrigues da Silva29.03.06 73916 | 08/27/2012 | N | da Silva29 | Jolo | da Silva | Hispanic | Both
6 | Catarina de F Hermenegildo31.03.06 73952 | 10/01/2012 | N | Hermenegildo31 | Catarina | Hermenegildo | Hispanic | Patient
7 | Joan Rodrigues da Silva 29.03.06 73916 | 10/03/2012 | N | da Silva 29-2 | Joan | da Silva | Hispanic | Donor
8 | Maria da ConceiÃ§Ã£o B de Lima13.04.06 74475 | 08/21/2012 | N | de Lima13 | Maria | de Lima | Hispanic | Patient

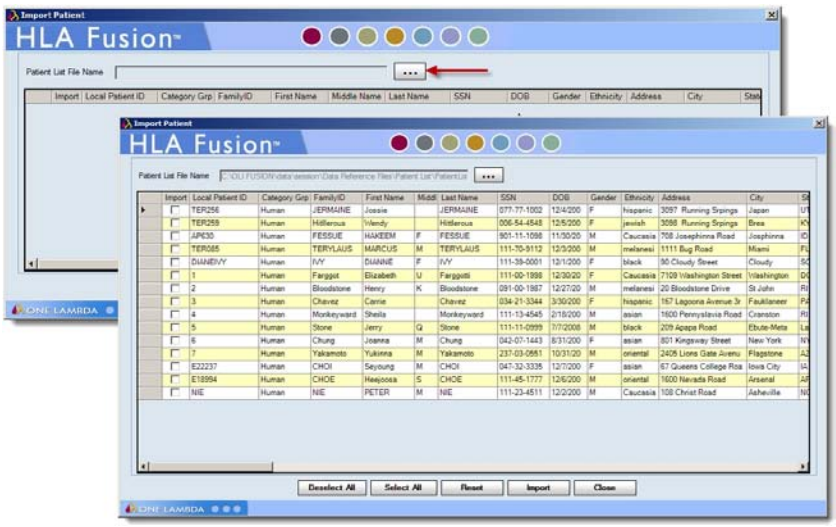
Se uma amostra já estiver associada a um paciente, é apresentada a ID de paciente e quaisquer informações relacionadas com o paciente.

Para adicionar informações de paciente, proceda da seguinte forma:

1. Para adicionar dados do sistema, clique no botão **Patient List**

(Lista de pacientes).

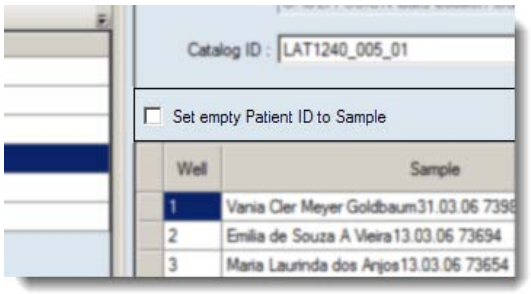
A janela **Import Patient** (Importar paciente) é apresentada, permitindo importar o ficheiro de informações do paciente.



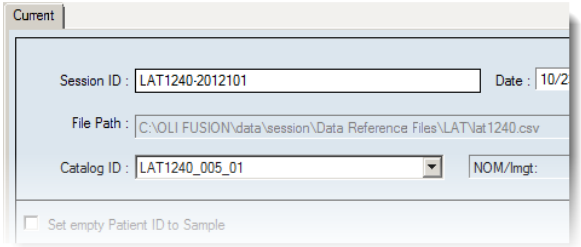

**Clique no botão Browse (Procurar) para localizar as listas de informações de pacientes.**

Para adicionar manualmente dados de paciente, basta introduzir dados nos campos da tabela relacionados com o paciente.

- O Fusion pode atribuir a ID de amostra aos campos de ID de paciente vazios selecionando a caixa para atribuir a ID de amostra a IDs de pacientes vazias.




2. O sistema Fusion atribui uma ID de sessão por defeito. Opcionalmente, pode introduzir uma ID de sessão diferente.

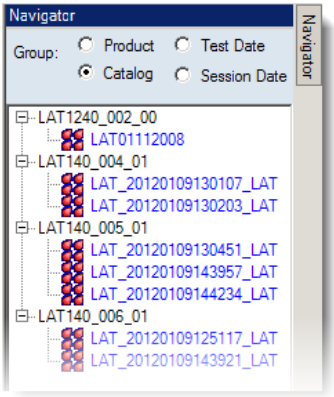



**Nota:** Uma ID de sessão deve ser exclusiva na base de dados do Fusion. Se a ID de sessão já existir, o software pede-lhe que altere o nome da sessão. Recomenda-se vivamente que não utilize caracteres especiais neste campo, uma vez que podem desempenhar uma função específica enquanto separadores de campo.

3. Aceite o ficheiro de catálogo ou selecione um da lista pendente no campo **Catalog ID** (ID de catálogo).

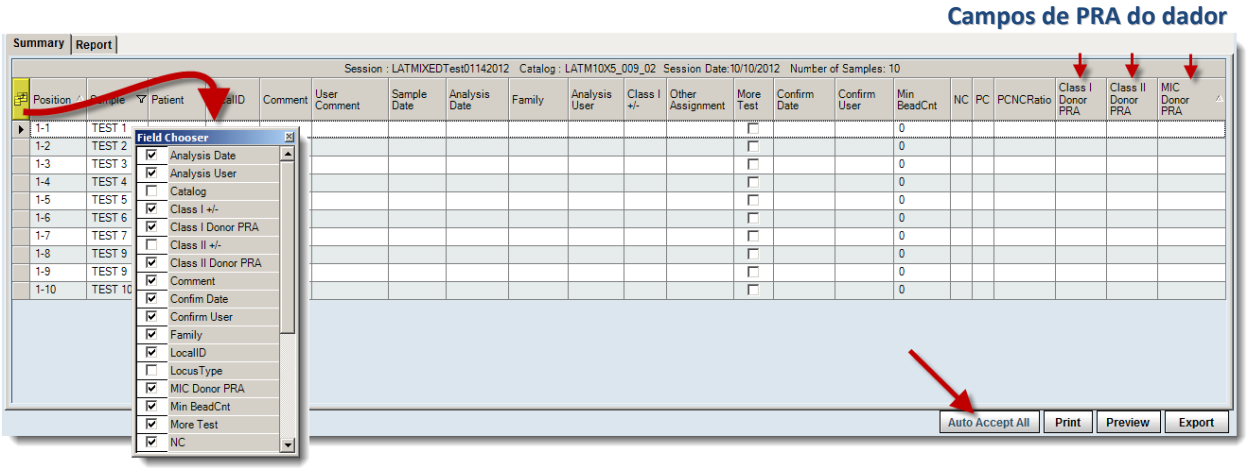
**Nota:** Se for necessário importar mais catálogos, clique na ligação **Download** [Download] (Transferir) na página inicial do LAT. A lista pendente de Catalog (Catálogo) poderá não ser imediatamente atualizada se tiver transferido os catálogos durante a sessão de importação atual. Pode ser necessário clicar no botão **Home** (Início) e, em seguida, clicar novamente no botão **LAT** LAT para voltar ao processo de importação.

4. Depois de verificadas as informações relativas à sessão e à amostra, clique no botão **Import** Import (Importar).
A sessão é então apresentada na árvore do **Navigator** (Navegador) do Fusion do lado direito do ecrã de análise para análise subsequente.



Pode selecionar uma sessão no **Navigator** (Navegador) do Fusion para visualizar o respetivo resumo e, em seguida, selecionar uma amostra do resumo da sessão para visualizar a respetiva análise. Em alternativa, pode continuar a importar amostras da lista Import Sample (Importar amostra).

5. No **Navigator** (Navegador), clique num nome de sessão. É apresentada a **Tabela de resumo da sessão**.




**Clique com o botão direito do rato para permitir a aceitação automática de atribuições e resultados** (caudais e de epítopos) **durante a importação.**
(LAT misto apenas)

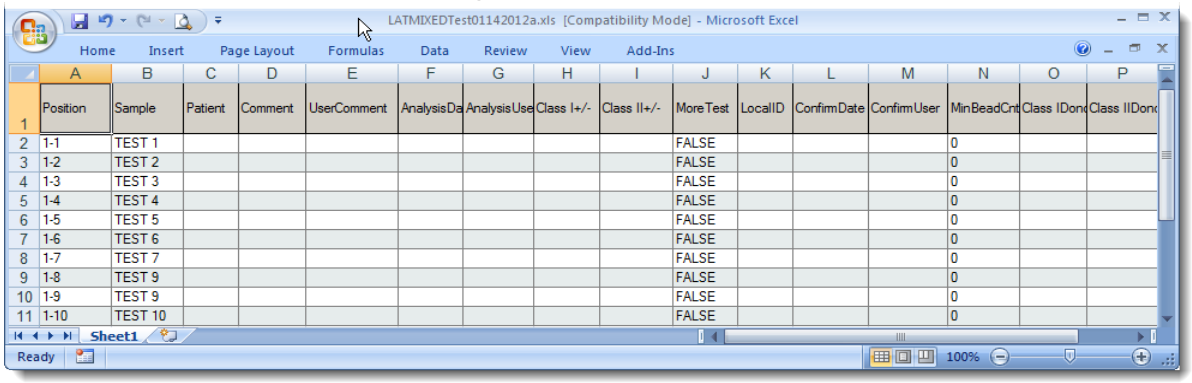
- Clique duas vezes numa amostra na Tabela de resumo para ir diretamente para o ecrã de análise desta amostra.
- Percorra a lista para a esquerda ou direita para apresentar todos os campos da Tabela de resumo.
- Clique no botão **Field Chooser** (Seleção de campo) à esquerda dos cabeçalhos da tabela. Nesta janela, pode selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação junto aos cabeçalhos das colunas para incluir ou excluir essas colunas da Tabela de resumo. Selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação nesta janela atualiza instantaneamente a tabela.

**Nota:** Se não vir um determinado campo disponível através da seleção de campo e tiver a certeza de que deveria existir, aceda a C:\HLA Fusion\temp e elimine o ficheiro com o nome `X_X_X(`*tipo de antigénio*`)_Layout.xml`.

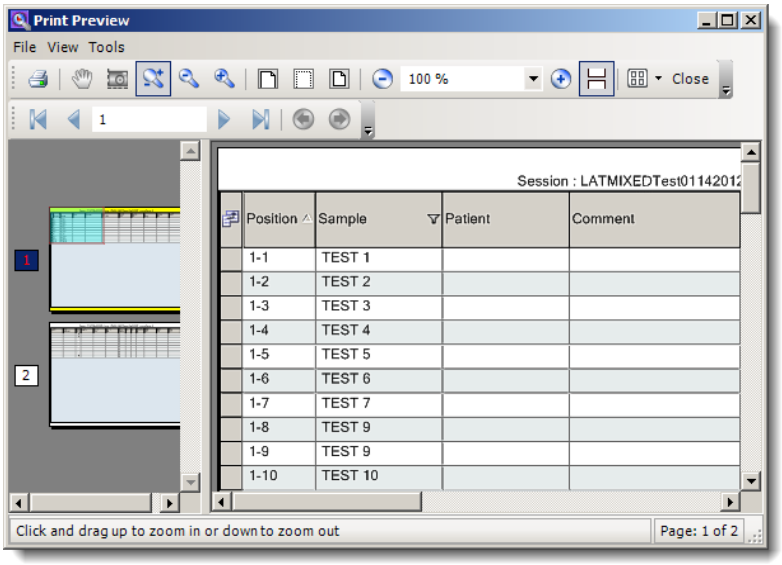
- Clique no cabeçalho da coluna da Tabela de resumo para ordenar a tabela por essa coluna. A seta no cabeçalho da coluna indica a ordem: seta para cima para ordem ascendente e seta para baixo para ordem descendente. Também é possível arrastar e largar as colunas para alterar a sua ordem.
- É possível modificar as colunas e a ordem da tabela de resumo da sessão. Quando fecha a opção **Field Chooser** (Seleção de campo), é apresentada uma mensagem de contexto para permitir que o utilizador guarde ou não as alterações efetuadas. Se clicar em **Yes** (Sim), as suas alterações são guardadas para todos os futuros resumos de sessão do LAT neste mesmo computador até se guardarem outras modificações.

- Clique no botão **Export** (Exportar) para guardar a Tabela de resumo no computador ou na rede (a localização predefinida é **`C:\OLI FUSION\data\report`**). O ficheiro é guardado no formato Excel (*.xls).

**Tabela de resumo exportada como uma folha de cálculo do Excel**


LATMIXEDTest01142012a.xls [Compatibility Mode] - Microsoft Excel
Home Insert Page Layout Formulas Data Review View Add-Ins
Position Sample Patient Comment UserComment AnalysisDa AnalysisUse Class I+/- Class II+/- MoreTest LocalID ConfirmDate ConfirmUser MinBeadCnt Class IDon Class IIDon
1-1 TEST 1 FALSE 0
1-2 TEST 2 FALSE 0
1-3 TEST 3 FALSE 0
1-4 TEST 4 FALSE 0
1-5 TEST 5 FALSE 0
1-6 TEST 6 FALSE 0
1-7 TEST 7 FALSE 0
1-8 TEST 9 FALSE 0
1-9 TEST 9 FALSE 0
1-10 TEST 10 FALSE 0
Sheet1
Ready
100%

- Clique em **Print** (Imprimir) para imprimir um relatório da Tabela de resumo.
- Clique em **Preview** (Pré-visualizar) para visualizar um relatório da Tabela de resumo.




**Imprimir/Pré-visualizar a tabela de resumo**

- Na janela de pré-visualização da impressão, a barra de deslocamento de visualização de páginas do lado esquerdo permite-lhe selecionar diferentes páginas do relatório.

- É possível modificar as colunas e a ordem da tabela de resumo da sessão. Pode guardar quaisquer modificações efetuadas no esquema ao clicar no botão **Save Layout** (Guardar esquema). As suas alterações são guardadas para todos os futuros resumos de sessões LAT no mesmo computador até serem realizadas e guardadas modificações posteriores.

Se pretende excluir uma amostra de uma sessão de análise, selecione a caixa de verificação **Exclude** (Excluir) junto a essa amostra. A amostra continua a ser apresentada na lista de amostras do Relatório; para evitar que seja incluída nos dados do relatório, não selecione a amostra durante a criação do relatório.

# Utilizar a janela de análise mista LAT

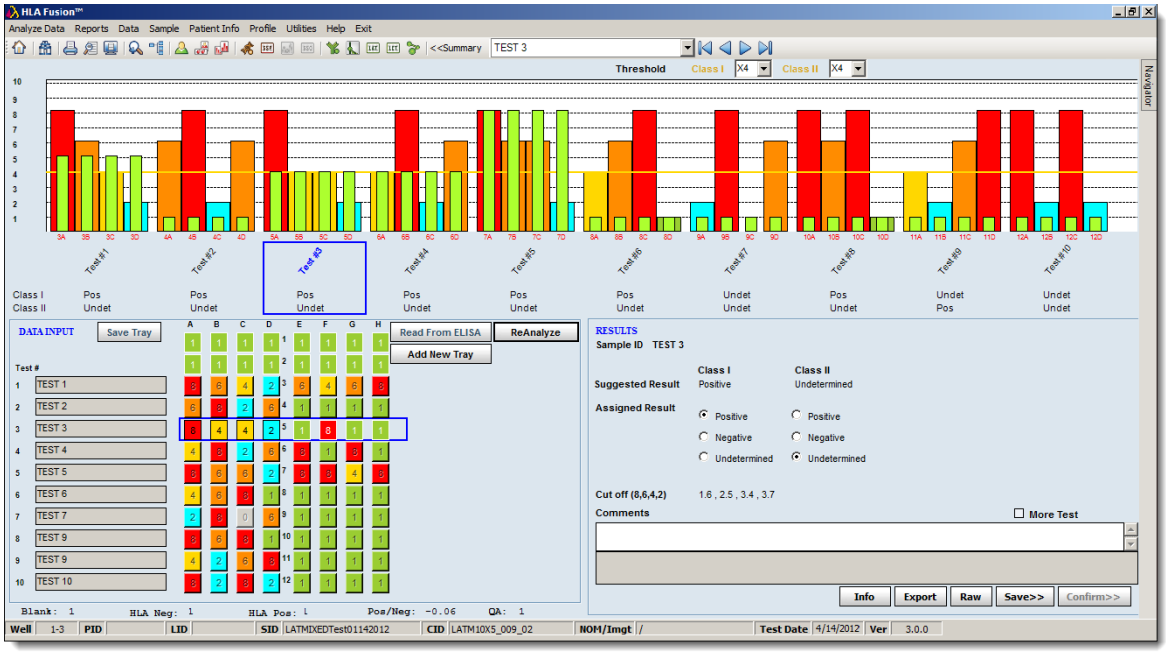
Para cada amostra na sessão atual, pode visualizar os dados de teste e atribuir resultados de rastreio. O HLA Fusion analisa uma amostra quando se move para a visualizar. Para analisar uma sessão completa, é necessário visualizar todas as amostras da sessão e atribuir os resultados.

Na janela de análise, pode:

- Visualizar e imprimir resultados de análise de amostras
- Colocar um círculo nos antigénios na tabela de especificidades
- Ordenar por posição do poço
- Adicionar comentários e identificar a amostra para a realização de testes adicionais
- Visualizar um relatório rápido para a amostra atual
- Exportar dados de reação para um ficheiro CSV

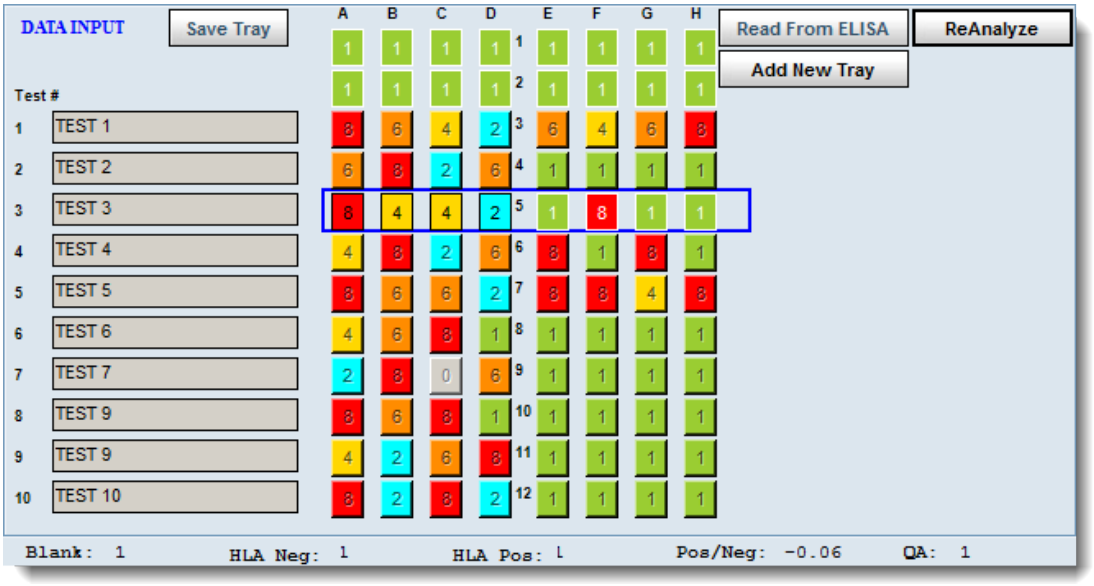
**Nota:** Pode voltar a um resumo da sessão a partir da janela de análise em qualquer altura clicando na ligação **<<Summary** (<<Resumo) na barra de ferramentas do HLA Fusion junto à ID de amostra/sessão.

Ecrã de análise mista LAT



## Introduzir dados e padrão de reação

O menu de introdução de dados apresenta a reação atual para uma amostra existente ou permite introduzir valores de reação para uma nova amostra. Esta área permite introduzir as amostras e reações numa sessão — um tabuleiro de 10 testes ou um tabuleiro de 20 testes. Os dados podem ser introduzidos manualmente ou obtendo os valores de dados em bruto de um leitor ELISA.




**Introdução de dados e padrão de reação** (tabuleiro de 10 testes)

- O formato da secção de introdução de dados reproduz uma ficha de trabalho de análise mista LAT. O painel de introdução de reação tem um esquema de tabuleiro. A linha de poços do teste atual é realçada por um retângulo azul.
- Cada poço é um botão que percorre o ciclo de valores de reação (1, 8, 6, 4, 2, 0). Os botões têm um código de cores que corresponde às reações.
- Pode introduzir reações clicando num botão e introduzindo um valor de reação ou clicando no botão até este apresentar a reação pretendida. Quando o botão mudar, o realce avança para o botão seguinte.
- A navegação de botões ocorre da esquerda para a direita (1A –1F, 2A – 2F, etc.).
- Quando o produto tiver um poço em branco, o botão de reação correspondente está desativado.
- A entrada/lista de amostras do tabuleiro encontra-se ao longo da parte lateral do painel. É necessário introduzir uma ID de amostra para poder guardar a reação na base de dados. A sessão não exige a utilização de todos os poços do tabuleiro.
- Depois de analisar um tabuleiro, não é possível adicionar mais informações da amostra a esse tabuleiro.

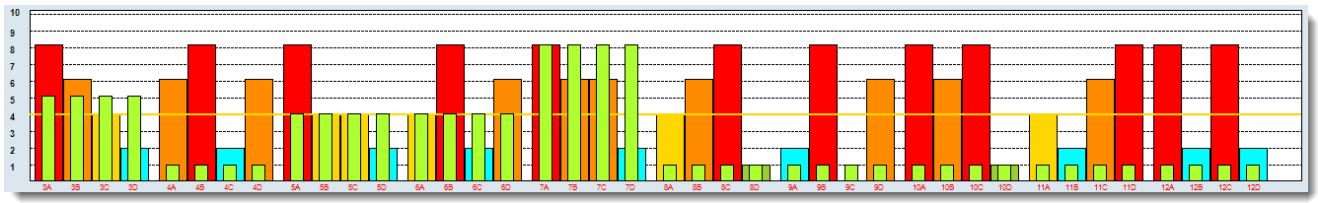
## Utilizar o leitor ELISA

Para ler os dados de análise diretamente do leitor ELISA Biotek ELX 800, o computador no qual é executado o HLA Fusion deve estar ligado ao leitor ELISA. Ligue e calibre o leitor ELISA de acordo com as especificações do produto. O HLA Fusion apenas consegue analisar tabuleiros Terasaki de 96 poços. O leitor ELISA lê os tabuleiros e transfere os dados em bruto para o HLA Fusion.

- Na janela de análise, clique em **Read From** (Ler de) para importar dados do leitor ELISA.

**Nota:** O botão **Read From** (Ler de) é apresentado apenas quando o computador estiver ligado ao leitor ELISA e se ainda não tiver introduzido reações manuais para o teste atual.

## Histograma LAT misto



Histograma para a análise mista LAT

Este histograma apresenta o valor de reação para cada posição de poço do tabuleiro atualmente numa sessão. Também apresenta a média dos poços de controlo negativo para o grupo de testes como uma barra verde-clara estreita sobreposta a cada barra do poço de reação.

Os poços são ordenados por grupos de teste: os poços de classe I, classe II e poços de controlo são ordenados em conjunto.

- **O eixo X** mostra a posição do poço.
- **O eixo Y** lista os intervalos de valores de reação (por ex., 1 a 10).

**As barras** têm um código de cores baseado no respetivo valor de reação:

- 8 = **vermelho**
- 6 = **laranja**
- 4 = **dourado**
- 2 = **azul**
- 1 = **verde**

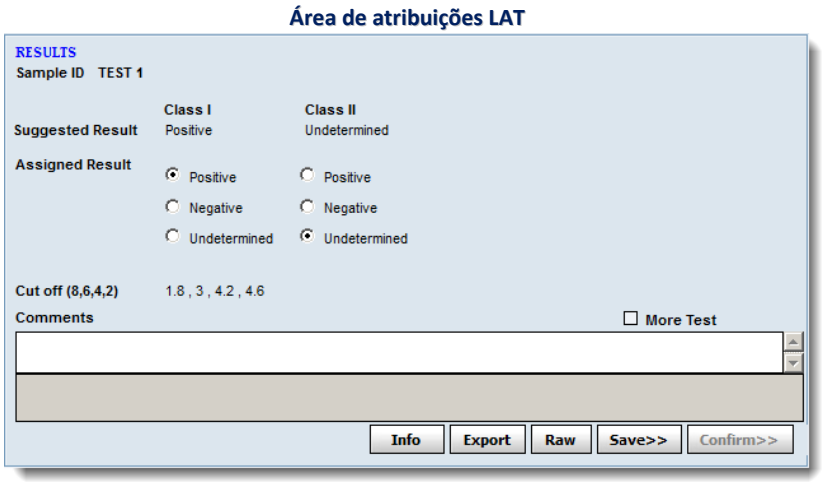
As linhas horizontais representam o limiar positivo que definiu para a classe I e a classe II. A(s) linha(s) assume(m) a mesma cor que o código de cores de RXN.

## Realizar atribuições

Os botões de opção **Final Assignment** (Atribuição final) apresentam a atribuição sugerida pelo software: Positive (Positiva), Negative (Negativa) ou Undetermined (Indeterminada). Para aceitar a atribuição, guarde ou confirme a amostra (consulte as secções seguintes).

Para modificar a atribuição sugerida, proceda da seguinte forma:

1. Na janela de análise, selecione uma atribuição para cada classe utilizando os botões de opção **Final Assignment** (Atribuição final) — Positive (Positiva), Negative (Negativa) ou Undetermined (Indeterminada).




## Guardar atribuições

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório.

- Na janela de análise, clique no botão **Save** Save (Guardar), localizado no canto inferior direito da janela de análise, para guardar os resultados da análise para todas as especificidades listadas atualmente na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

O Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte.

Para fins de confirmação, um Supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as atribuições. Pode voltar à amostra em qualquer altura antes da confirmação. Se for necessário efetuar alterações, clique no botão **Reanalyze** Reanalyze (Reanalisar) e, em seguida, clique novamente no botão **Save** Save (Guardar).

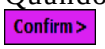
## Confirmar atribuições

*Apenas* os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. Ao fazê-lo, as amostras são assinaladas como *Confirmed* (Confirmadas). O botão **Confirm** (Confirmar) é apresentado a **roxo** quando visualiza uma amostra confirmada.

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm**

(Confirmar), localizado no canto inferior direito da janela, para confirmar todos os resultados da análise.

  Passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.

  Quando voltar pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm** 

(Confirmar) está agora sombreado a **roxo** para informar que foi confirmada anteriormente.

### Adicionar comentários às amostras

Os comentários que o utilizador ou o Fusion adicionam nos campos **Comments** (Comentários) são apresentados com os resultados nas funções atuais de sessão de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

- Na janela de análise, introduza os comentários da amostra no campo **Comment** (Comentário) abaixo da área Assignments (Atribuições).

Os comentários são guardados apenas depois de clicar nos botões **Save** (Guardar) ou **Confirm** (Confirmar).

### Sinalizar uma amostra para testes adicionais

Pode indicar a necessidade de realizar testes adicionais numa amostra selecionando a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes) e guardando em seguida.

A indicação **More Tests** (Mais testes) é apresentada nos resultados, procura de dados e relatórios da amostra.

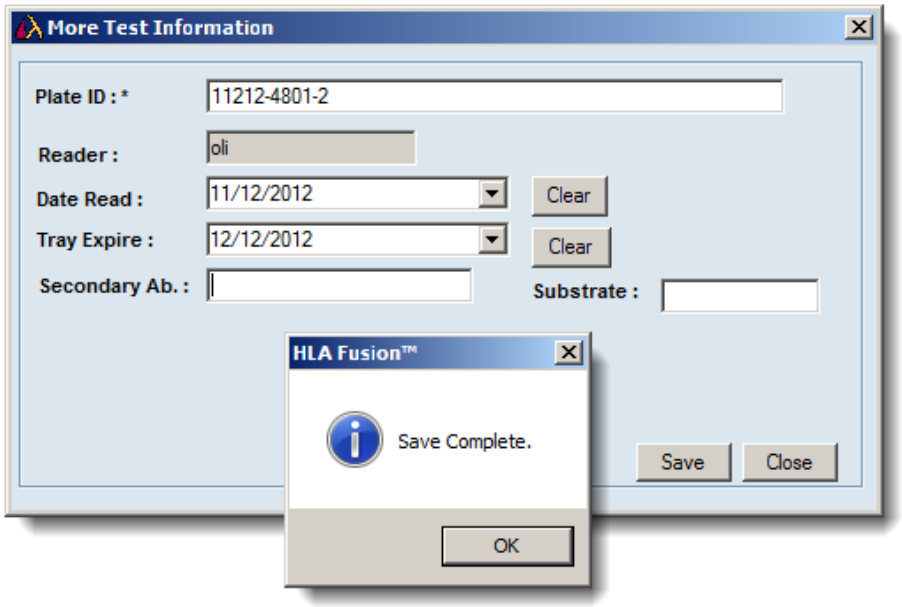
1. Na janela de análise, assinale a caixa de verificação **More Tests**

(Mais testes), localizada abaixo da área Assignments (Atribuições), no canto inferior direito.

2. Clique em **Save** Save (Guardar) ou **Confirm** Confirm> (Confirmar) para manter a definição.

### Adicionar informações sobre o tabuleiro

Pode adicionar informações sobre o tabuleiro atual, como a data de validade, ao clicar no botão **Info** Info. É apresentada a caixa de diálogo seguinte quando clica neste botão, permitindo-lhe adicionar informações sobre este tabuleiro de amostras.




### Exportar dados da sessão

Pode clicar no botão **Export** Export (Exportar) (localizado no canto inferior direito, imediatamente acima do botão **Save>>** [Guardar>>]) para exportar os dados da sessão para um ficheiro semelhante ao formato de ficheiro de saída CSV Luminex.

Se tiver uma estação de trabalho separada para o leitor ELISA e a análise, o ficheiro exportado pode ser importado para análise e utilizado noutro computador.

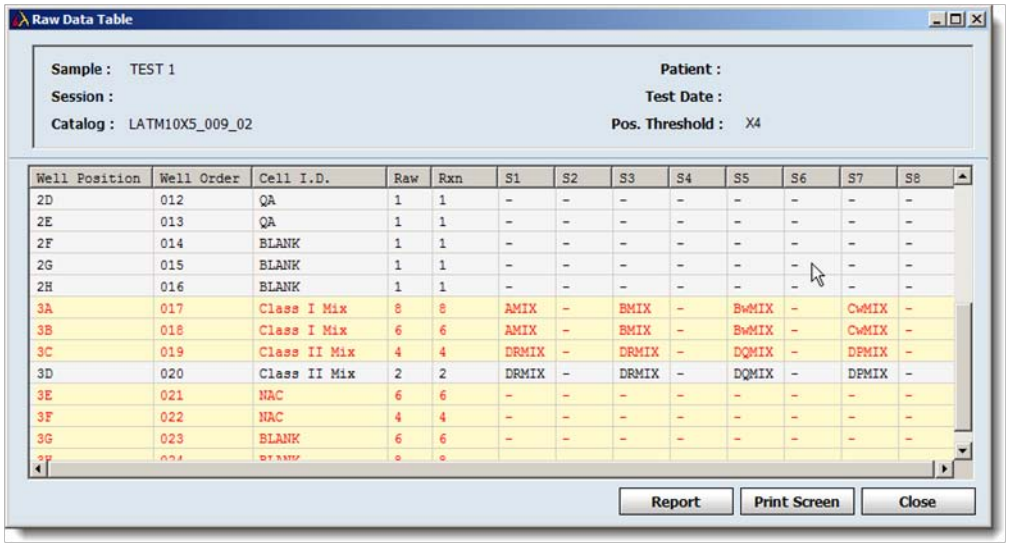
### Tabela de dados em bruto

As esferas positivas são apresentadas em texto **vermelho**. As linhas realçadas a amarelo têm valores de reação normalizados superiores ao valor mínimo.

As alterações efetuadas na fórmula de normalização e no valor normalizado mínimo aplicam-se apenas à tabela de dados em bruto e não à análise.

1. Na janela de análise, clique no botão **Raw** Raw (Em bruto) no canto inferior direito para apresentar a tabela de dados em bruto.

**Tabela de dados em bruto**




| Well Position | Well Order | Cell I.D. | Raw | Rxn | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 2D | 012 | QA | 1 | 1 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 2E | 013 | QA | 1 | 1 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 2F | 014 | BLANK | 1 | 1 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 2G | 015 | BLANK | 1 | 1 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 2H | 016 | BLANK | 1 | 1 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 3A | 017 | Class I Mix | 8 | 8 | AMIX | - | BMIX | - | BwMIX | - | CwMIX | - |
| 3B | 018 | Class I Mix | 6 | 6 | AMIX | - | BMIX | - | BwMIX | - | CwMIX | - |
| 3C | 019 | Class II Mix | 4 | 4 | DRMIX | - | DRMIX | - | DQMIX | - | DPMIX | - |
| 3D | 020 | Class II Mix | 2 | 2 | DRMIX | - | DRMIX | - | DQMIX | - | DPMIX | - |
| 3E | 021 | NAC | 6 | 6 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 3F | 022 | NAC | 4 | 4 | - | - | - | - | - | - | - | - |
| 3G | 023 | BLANK | 6 | 6 | - | - | - | - | - | - | - | - |

Clique num cabeçalho para ordenar a tabela por essa categoria.

Clique no botão **Exit** (Sair) no canto superior direito da tabela para fechar a janela e voltar à análise.

### Relatório rápido de dados em bruto

Para navegar, exportar e imprimir mais facilmente, pode criar um relatório que contenha informações de dados em bruto para a amostra atual.

Quando for apresentada a Tabela de dados em bruto, clique no botão **Report** Report (Relatório) no canto inferior direito da janela da tabela **Raw Data** (Dados em bruto) para apresentar um relatório dos dados em bruto.

Clique no botão **Exit** (Sair) no canto superior direito da tabela para fechar a janela e voltar à análise.

Clique no botão **Print Screen** Print Screen (Imprimir ecrã) para apresentar uma pré-visualização da porção atualmente visível da Tabela de dados em bruto.

Clique no botão **Printer** (Impressora) no canto superior esquerdo da janela para enviar a imagem diretamente para a impressora.

Clique no botão **Exit** (Sair) ou **Close** Close (Fechar) para fechar a janela e voltar à análise.

### Imprimir a janela de análise atual

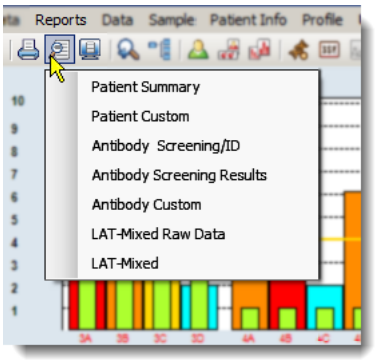
O botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) envia a janela de análise atualmente visualizada para a impressora predefinida para o seu computador.

- Na janela de análise, clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas do Fusion para imprimir a porção atualmente visível do ecrã de análise.

### Pré-visualizar e imprimir relatórios

Para visualizar ou imprimir um relatório de Dados mistos de rastreio de anticorpos para a amostra atual, utilize o botão Preview Report (Pré-visualizar relatório) na barra de ferramentas.

- Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista de relatórios que pode imprimir ou pré-visualizar para a amostra atual.




**Nota:** Se selecionar **Antibody Custom** (Relatório de anticorpos personalizado), não é possível criar um novo relatório personalizado neste momento. Os únicos relatórios personalizados disponíveis na janela de análise são os anteriormente criados através da janela **Reports** (Relatórios).

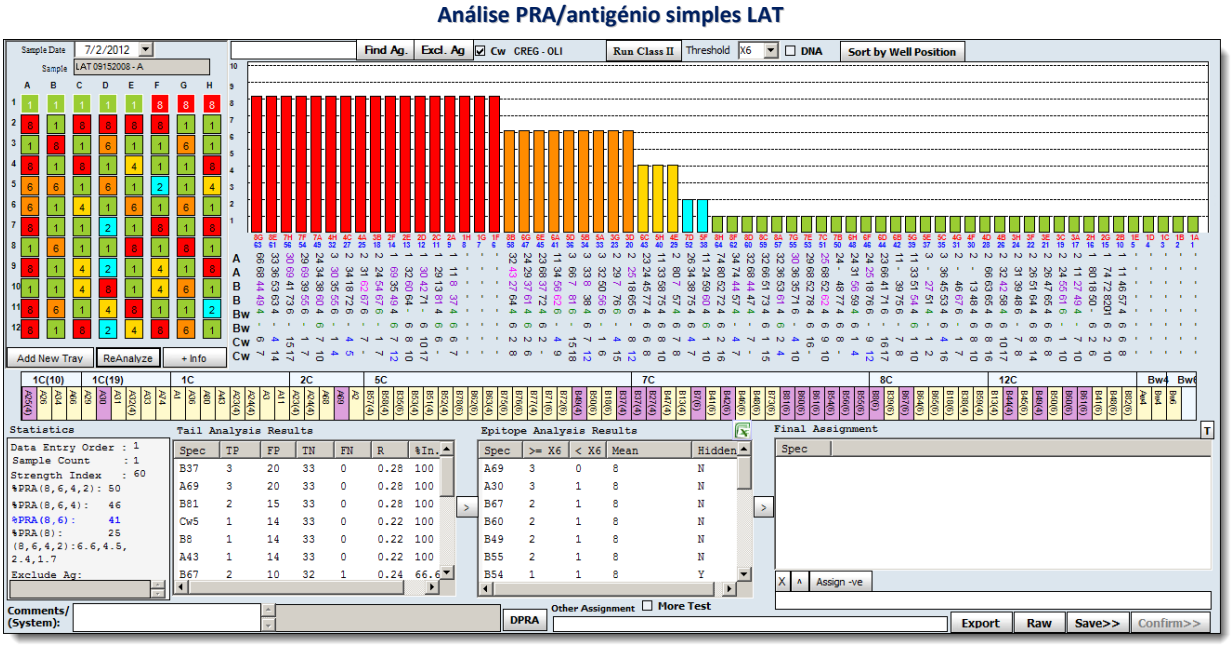
# Utilizar a janela de análise PRA/antigénio simples LAT

Esta janela fornece informações de análise detalhadas para cada amostra na sessão. Permite rever, modificar e aceitar as atribuições de especificidade sugeridas pelo programa. O HLA Fusion sugere resultados de rastreio possíveis, mas a atribuição final deve ser efetuada pelo utilizador.

No menu da janela de análise, pode fazer o seguinte:

- Selecionar o limiar mínimo positivo
- Excluir especificidades selecionadas ou Cw

**Nota:** Pode voltar a um resumo da sessão a partir da janela de análise em qualquer altura clicando na ligação **<<Summary** (<<Resumo) na barra de ferramentas do HLA Fusion junto à ID de amostra/sessão.




## Introduzir o padrão de reação

Clique em cada poço para alterar o respetivo valor de reação ou introduza um valor de reação quando o poço estiver realçado. Os poços com margens brancas são poços de controlo; os poços com margens pretas são poços de reação.

1. Na janela de análise, introduza o nome de uma amostra nos campos **Top/Bottom Sample** (Amostra superior/inferior) e prima a tecla **Enter** (para tabuleiros de dois testes, introduza os nomes da amostra superior e inferior).

2. Introduza os padrões de reação clicando nos poços para alterar o valor de reação. Em alternativa, selecione um poço e introduza o valor de reação.
3. Clique no botão **Reanalyze** [Reanalyze] (Reanalisar).

Não é obrigatório utilizar todos os poços de um tabuleiro.

A entrada do tabuleiro corresponde a um grupo de botões que representam cada poço. Os botões percorrem o ciclo de valores de reação quando clicados (1, 8, 6, 4, 2, 0). Por defeito, é apresentado o 1. As cores dos botões refletem os valores introduzidos: 1=**verde**, 2=**azul-claro**, 4=**magenta**; 6=**vermelho**; 8=**azul-escuro**.

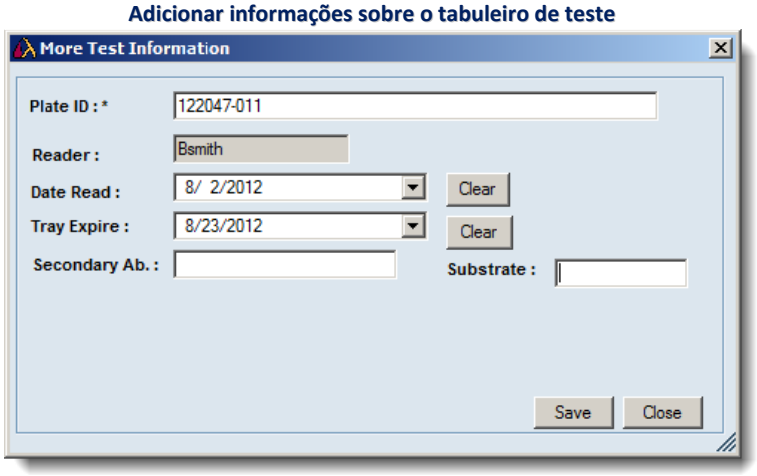
Pode introduzir reações clicando num botão e introduzindo um valor de reação ou clicando no botão até este apresentar a reação pretendida. Quando o valor de reação do botão mudar, o realce avança para o botão seguinte.

A navegação de botões é da esquerda para a direita (1A –1F, 2A – 2F, etc.).

A imagem do tabuleiro (ordem dos botões, posição dos poços, etc.) recria o tabuleiro LAT executado na realidade. Assim, num tabuleiro de 2 testes, a parte superior do tabuleiro é apresentada em primeiro lugar para a primeira amostra e a metade inferior é apresentada em segundo lugar para a segunda amostra. Quando adiciona um novo tabuleiro, a metade superior é apresentada em primeiro lugar, seguida da metade inferior, se aplicável.

Pode adicionar informações sobre o tabuleiro, como a data de validade, ao clicar no botão **+ Info** [+ Info]. É apresentada a caixa de diálogo **More Test Information** (Mais informações de teste) quando clicar neste botão, permitindo-lhe adicionar informações sobre este tabuleiro:

**Adicionar informações sobre o tabuleiro de teste**



## Utilizar o leitor ELISA

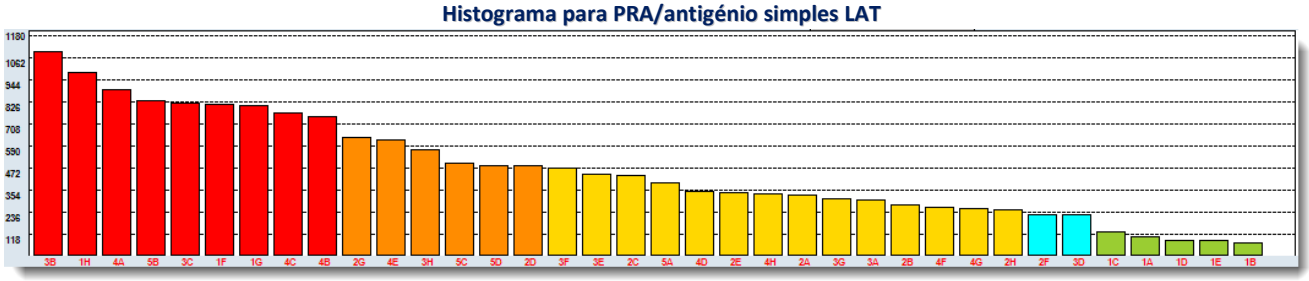
Para importar os dados de análise diretamente do leitor ELISA Biotek ELX 800, o computador no qual é executado o HLA Fusion deve estar ligado ao leitor ELISA. Ligue e calibre o leitor ELISA de acordo com as especificações do produto. O HLA Fusion apenas consegue analisar tabuleiros Terasaki de 96 poços. O leitor ELISA lê os tabuleiros e transfere os dados em bruto para o HLA Fusion.

- Na janela de análise, clique no botão **Read From ELISA** (Ler de ELISA) para importar os dados do leitor ELISA.

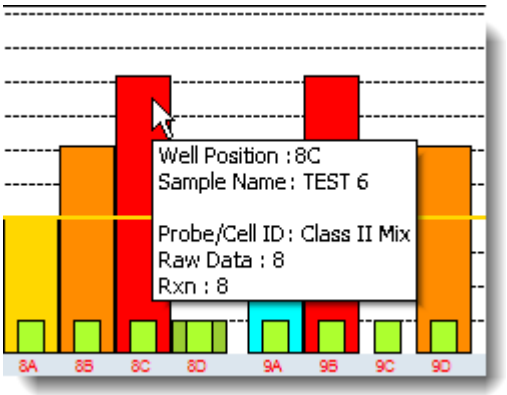
**Nota:** O botão **Read From** (Ler de) é apresentado apenas quando o computador estiver ligado ao leitor ELISA e se ainda não tiver introduzido reações manuais para o teste atual.

## Histograma PRA/antigénio simples LAT

Apresenta a reação da amostra.


Histograma para PRA/antigénio simples LAT
1180
1062
944
826
708
590
472
354
236
118
3B 1H 4A 5B 3C 1F 1G 4C 4B 2G 4E 3H 5C 5D 2D 3F 3E 2C 5A 4D 2E 4H 2A 3G 3A 2B 4F 4G 2H 2F 3D 1C 1A 1D 1E 1B

- Eixo Y = reatividade; eixo X = posição do poço e ordem das amostras.
- Por defeito, o histograma é ordenado da reação mais alta para a mais baixa. Também pode clicar no botão **Sort by Well Position** (Ordenar por posição do poço).
- **As barras** são coloridas de acordo com a reação: 1=**verde**, 2= **azul-claro**, 4=**amarelo**; 6=**castanho**; 8=**vermelho**.
- Ao passar com o cursor sobre uma barra, é apresentada uma janela de contexto com a ID de esfera, Posição do tabuleiro, Reação, Dados em bruto, Limiar e Especificidade do poço.



### Tabela CREG

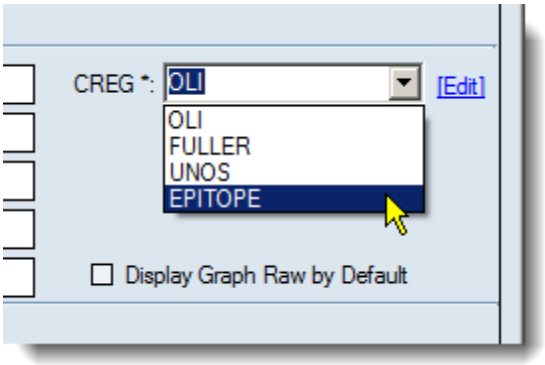
Os grupos CREG são apresentados na parte superior da tabela, com as especificidades para o grupo apresentadas abaixo. As especificidades são realçadas numa das seguintes cores.

**Nota:** Se pretender ocultar a visualização da barra CREG, clique no título CREG na parte superior da janela. É apresentada uma caixa de diálogo perguntando-lhe se pretende ocultar a barra CREG. Clique em **Yes** (Sim) para a ocultar. Para voltar a visualizá-la, clique novamente no título CREG e clique no botão **Yes** (Sim) para a mostrar.

- **Roxo** = Atribuições positivas da caixa Epitope Analysis Results (Resultados da análise de epítopos)
- **Cor de rosa** = Atribuições caudais que são mascaradas pela análise de epítopos
- **Azul** = Atribuições de Cw
- **Verde** = Atribuições de Bw4 e Bw6
- Clique num grupo CREG ou em antigénios para colocar um círculo nas especificidades correspondentes.
- Clique com o botão direito do rato num antigénio para mover a especificidade para a caixa **Final Assignments** (Atribuições finais).

Proceda da seguinte forma se pretender utilizar uma tabela CREG diferente:

1. Clique no botão da página inicial do **LAT** [LAT] ou selecione **Utilities > Antibody Product Configuration > Set Analysis Configuration** (Acessórios > Configuração de anticorpos > Definir a configuração da análise).




2. Na página inicial do LAT, clique na ligação **[Edit]** (Editar) para apresentar a caixa de diálogo **Analysis Configuration Settings** (Definições de configuração da análise) (esta caixa de diálogo é automaticamente apresentada se estiver a aceder através do menu Utilities [Acessórios]).
3. Selecione uma tabela diferente na lista pendente CREG.
4. Clique no botão **Save** [Save] (Guardar) na parte inferior deste ecrã.

### Localizar antigénio

Todos os antigénios introduzidos são apresentados com um círculo no campo de especificidade. Para introduzir vários antigénios, utilize um espaço para separar as entradas de antigénios. Clicar nas etiquetas para Tail Analysis Results (Resultados da análise caudal), Epitope Analysis Results (Resultados de análise de epítopos) ou Final Assignment (Atribuição final) cria círculos em redor das especificidades listadas na área de resultados. Clicar na etiqueta "Exclude Antigen" (Excluir antigénio) coloca um círculo nos antigénios excluídos.

**Nota:** Se utilizar a função Find Antigen (Localizar antigénio) enquanto a janela está a apresentar especificidades moleculares, não é possível ver os antigénios identificados com círculo até anular a seleção da caixa de verificação DNA (ADN).

1. Na janela de análise, introduza os antigénios individuais ou grupos CREG (por ex., 1C ou 2C) no campo junto ao botão **Find Ag** (Localizar antigénio).
2. Clique no botão **Find Ag** (Localizar antigénio) para colocar um círculo nos antigénios ou grupos CREG introduzidos.
3. Clique novamente no botão **Find Ag** (Localizar antigénio) para remover os círculos dos antigénios no campo de especificidade.

### Visualizar especificidades moleculares

As especificidades moleculares são apresentadas apenas no campo de especificidade da janela de análise. A Tabela CREG e os resultados de rastreio são apresentados e guardados como especificidades serológicas.

1. Na janela de análise, selecione a caixa de verificação **DNA** (ADN) para apresentar as especificidades moleculares.
2. Anule a seleção da caixa de verificação para voltar à visualização de especificidades serológicas.

### Selecionar o limiar mínimo positivo

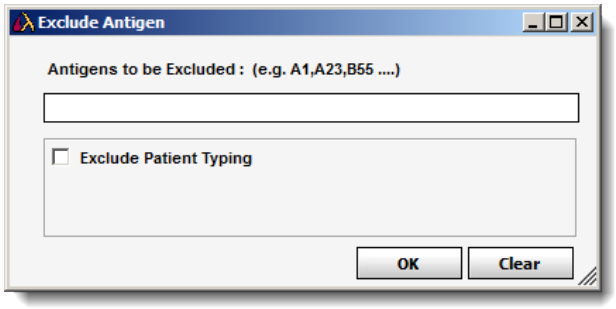
Pode alterar o limiar mínimo positivo utilizando o menu pendente.

- Na janela de análise, selecione um novo limiar positivo na lista pendente **Threshold** (Limiar) junto às ferramentas de análise próximo da parte superior da janela. A amostra é reanalisada de acordo com o novo limiar. Os efeitos da alteração do limiar são apresentados nas caixas de resultados.

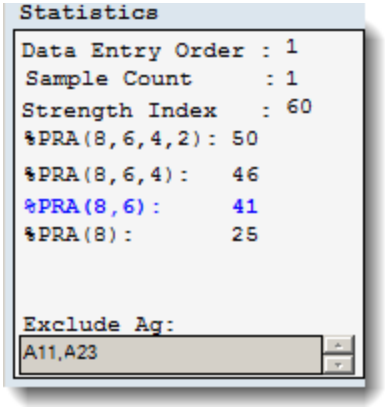
### Excluir antigénios da análise

Para introduzir vários antigénios, utilize uma vírgula para separar as entradas de antigénios. Todos os antigénios introduzidos são excluídos da análise.

1. Na janela de análise, clique no botão **Excl. Ag**. (Excluir antigénio). É apresentada a caixa de contexto Exclude Antigen (Excluir antigénio).




2. Introduza os antigénios a excluir, separados por vírgulas, e clique em **OK**.




A amostra é reanalisada e os antigénios excluídos são listados no campo Excluded Antigens (Antigénios excluídos) na caixa de estatísticas da análise.

3. Para incluir todos estes antigénios novamente, clique de novo no botão **Excl. Ag** (Excluir antigénio); clique em **Clear** (Limpar) para remover os antigénios do campo e, em seguida, clique em **OK** para reanalisar com estes antigénios incluídos.

### Incluir/excluir Cw

Por optar por incluir ou excluir especificidades de antigénios Cw da análise.

- Próximo da parte superior da janela de análise, selecione a caixa de verificação **Cw** para reanalisar com as especificidades Cw.

Anule a seleção da caixa de verificação **Cw** para reanalisar sem as especificidades Cw.

## Navegar entre a Classe I e a Classe II

### (Sessões PRA combinadas de classe I e II)

Para sessões PRA combinadas de classe I e II, cada classe HLA é analisada separadamente e tem de ser guardada separadamente para que os resultados combinados sejam apresentados na base de dados.

Certifique-se de que já criou um ficheiro de catálogo PRA combinado de classe I e classe II LAT antes de importar as sessões combinadas).

- Na janela de análise, clique no botão ***Run Class I*** (Executar classe I) ou ***Run Class II*** (Executar classe II), localizados na parte superior central da janela de análise, para alternar entre os resultados da classe I e classe I para a amostra atual.

  (Depois de clicar no botão Run Class I [Executar classe I] e concluir a análise, o botão muda para Run Class II [Executar classe II] e vice-versa.)

### Tabela de dados em bruto

As esferas positivas são apresentadas em texto **vermelho**. As linhas realçadas a amarelo têm valores de reação normalizados superiores ao valor mínimo. As alterações efetuadas na fórmula de normalização e no valor normalizado mínimo aplicam-se apenas à tabela de dados em bruto e não à análise.

1. Na janela de análise, clique no botão **Raw** (Em bruto) no canto inferior direito para apresentar a tabela de dados em bruto.

Realize uma ou mais das seguintes ações:

- Clique num cabeçalho na parte superior de qualquer linha para ordenar a tabela por essa categoria.
- Clique no botão **Report** (Relatório) para criar um relatório da Tabela de dados em bruto.
- Clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) para imprimir o ecrã tal como é visualizado.
- Clique no botão **Close** (Fechar) para fechar a janela e para regressar à análise.

### Relatório de dados em bruto

Pode criar um relatório que contenha informações de dados em bruto para a amostra atual.

- Quando for apresentada a Tabela de dados em bruto, clique no botão **Report** (Relatório) no canto inferior direito da janela da tabela Raw Data (Dados em bruto) para apresentar um relatório dos dados em bruto.

### Exportar dados da sessão

Pode clicar no botão **Export** (Exportar) para exportar dados de amostra para um ficheiro de saída separado por vírgula. Este ficheiro pode ser importado para fins de análise. Esta funcionalidade pode ser utilizada se tiver uma estação de trabalho separada para ELISA e análise.

### PRA do dador

Pode apresentar a percentagem de PRA do dador disponíveis no sistema ou de grupos de dadores selecionados que correspondam aos anticorpos atribuídos por computador para a amostra atual.

| | |
|---|---|
| **Nota:** | Para selecionar um ou mais grupos de dadores, selecione **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais). Para criar um grupo de dadores, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações do paciente > Gerir paciente), seguido de **Donor** (Dador) no campo Patient/Donor (Paciente/Dador) e preencha o campo do grupo de dadores. |

1. Para a análise de antigénio individual ou PRA, clique no botão **DPRA**. Uma janela de contexto apresenta a percentagem de PRA do dador correspondentes e o número total de dadores que foi considerado no cálculo.

2. Clique em **OK** para fechar a caixa. A percentagem e o número de dadores continuam a ser apresentados junto ao botão **Donor PRA** (PRA do dador).

### Adicionar comentários às amostras

Os comentários que o utilizador ou o Fusion adicionam no campo **Comments** (Comentários) são apresentados com os resultados nas funções da sessão de análise atual, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

- Na janela de análise, introduza os comentários da amostra no campo **Comment** (Comentário) abaixo da área Assignments (Atribuições).

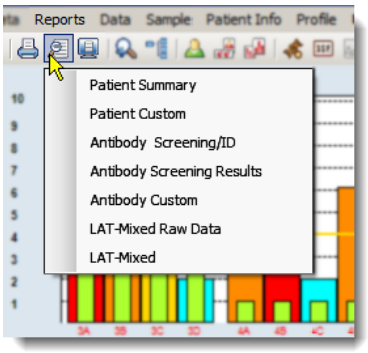
Pode clicar e arrastar o canto inferior direito para redimensionar a caixa de comentários. Os comentários são guardados apenas depois de clicar no botão **Save** (Guardar) depois de concluída a análise.

### Sinalizar uma amostra para testes adicionais

Marcar uma amostra para a realização de testes adicionais apresenta a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes) para os resultados da amostra na sessão de análise atual em todas as funções de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

- Na janela de análise, assinale a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes), localizada abaixo da secção Epitope Analysis Results (Resultados da análise de epítopos).

### Pré-visualizar e imprimir relatórios




Para visualizar ou imprimir um relatório LAT PRA/SA para a amostra atual, clique no botão Preview Report (Pré-visualizar relatório) na barra de ferramentas do Fusion.

- Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou no botão **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista dos relatórios que pode imprimir ou pré-visualizar para a amostra atual.

**Nota:** Se selecionar Molecular Custom (Relatório molecular personalizado), não é possível criar um novo relatório personalizado neste momento. Os únicos relatórios personalizados disponíveis na janela de análise são os anteriormente criados através da janela **Reports** (Relatórios).

## Realizar atribuições finais

É possível realizar atribuições finais a partir das listas de resultados Tail (Caudal) ou Epitope (Epítopo). Depois de se mover uma especificidade para a área Final Assignments (Atribuições finais), deixa de ser apresentada na sua caixa de resultados inicial.

Na janela de análise, proceda de uma das seguintes formas para realizar atribuições:

- Clique duas vezes numa especificidade de um antigénio na caixa de resultados **Tail** (Caudal) ou **Epitope Analysis** (Análise de epítopos) para listar o antigénio especificado no campo **Final Assignment** (Atribuição final).
- Clique na especificidade para a realçar e clique no botão **Assign Single** (Atribuir simples) para a mover para a lista **Final Assignment** (Atribuição final).
- Clique no botão **Assign All** (Atribuir tudo) do lado direito da lista Tail (Caudal) ou Epitope (Epítopo) para mover todos os resultados atuais nessa lista para a área **Final Assignments** (Atribuições finais).
- Clique com o botão direito do rato numa especificidade ou grupo CREG na Tabela CREG para a atribuir à área **Final Assignments** (Atribuições finais).

### Atribuições manuais

É possível introduzir atribuições manuais no campo abaixo da caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais). Introduza várias atribuições manuais ao deixar um espaço entre cada especificidade.

1. Na janela de análise, introduza uma atribuição de especificidade de antigénio manual no campo por baixo da caixa Final Assignment (Atribuição final).

2. Clique no botão Assign (Atribuir) , imediatamente acima do campo Manual Assignment (Atribuição manual) para adicionar a atribuição à caixa de resultados **Final Assignment** (Atribuição final).

### Atribuir valores negativos a amostras

É possível atribuir um valor negativo a uma amostra, mesmo que a análise apresente alguns resultados positivos.

- Na janela de análise, clique no botão **Assign -ve**

(Atribuir valor negativo), (localizado imediatamente acima do campo Manual Assignment [Atribuição manual]) para atribuir um valor negativo a todas as amostras na caixa de resultados Final Assignment (Atribuição final).

### Remover atribuições

É possível remover especificidades do campo de resultados **Final Assignments** (Atribuições finais). Pode remover mais de uma especificidade ao manter premida a tecla **Ctrl** e ao clicar em cada especificidade que pretende remover.

- Na janela de análise, clique nas especificidades para as realçar na lista Final Assignment (Atribuição final), (mantenha premida a tecla CTRL para selecionar mais de uma) e clique no botão **Remove**

(Remover), localizado abaixo do campo de resultados **Final Assignments** (Atribuições finais).

### Guardar atribuições

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório.

- Na janela de análise, clique no botão **Save >>**(Guardar), (localizado no canto inferior direito da janela de análise) para guardar os resultados da análise para todas as especificidades listadas atualmente na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

  Desloca-se automaticamente para a amostra seguinte.

Para fins de confirmação, um Supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as atribuições. Pode voltar à amostra em qualquer altura antes da confirmação. Se for necessário efetuar alterações, clique no botão **Reanalyze** (Reanalisar) e, em seguida, clique novamente no botão **Save** (Guardar).

## Confirmar atribuições

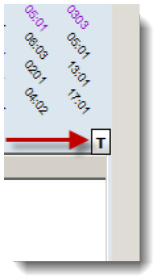
*Apenas* os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. Ao fazê-lo, as amostras são assinaladas como *Confirmed* (Confirmadas). O botão **Confirm** (Confirmar) é apresentado a roxo quando visualiza uma amostra confirmada.

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm** (Confirmar), localizado no canto inferior direito da janela, para confirmar todos os resultados da análise.

  Passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.

Quando voltar pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm** (Confirmar) está agora sombreado a **roxo** para informar que foi confirmada anteriormente.

### Obter valores de análise caudal




Os valores de análise caudal podem ser apresentados no campo de resultados **Final Assignments** (Atribuições finais), mas não são armazenados para fins de procura ou criação de relatórios.

- Na janela de análise, clique no botão T , localizado no canto superior direito da caixa de resultados Final Analysis (Análise final), para apresentar os valores de análise caudal no campo de resultados Final Assignments (Atribuições finais).
- As amostras de antigénios simples LAT importadas após a alteração desta configuração não apresentam a área de atribuição da análise caudal na janela de análise da amostra.

## Navegar entre a Classe I e a Classe II

### (Sessões de PRA combinadas de classe I e II)

Para sessões de PRA combinadas de classe I e II LABScreen, cada classe HLA é analisada separadamente e tem de ser guardada separadamente para que os resultados combinados sejam apresentados na base de dados.

Certifique-se de que já criou um ficheiro de catálogo de PRA combinado de classe I e II LABScreen antes de importar as sessões combinadas.

- Na janela de análise, clique nos botões ***Run Class I*** (Executar classe I) e ***Run Class II*** (Executar classe II), localizados no canto superior esquerdo da janela de análise, para alternar entre os resultados da classe I e classe I para a amostra atual.

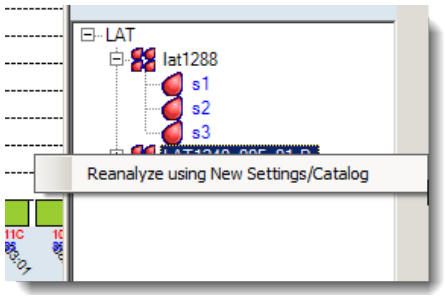
# Opções do menu do botão direito do rato do Navigator (Navegador) para LAT

**Nota:** Estas opções aplicam-se a todas as sessões e amostras LAT.

Existem opções de análise no Navigator (Navegador), dependendo se se encontra na vista de resumo da sessão LAT ou num ecrã de análise para uma amostra.

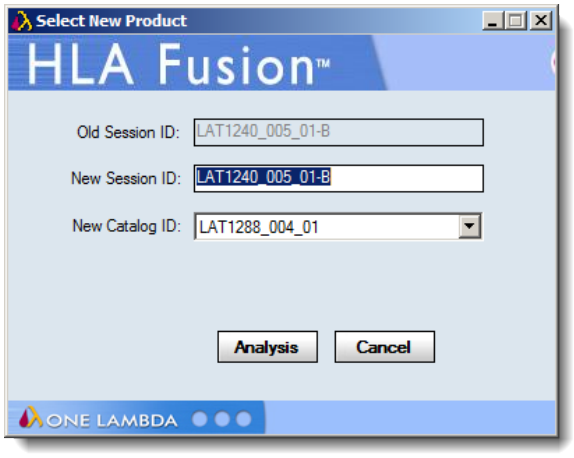
Ao clicar com o botão direito do rato numa sessão ou amostra na janela Navigator (Navegador), acede a opções do menu que lhe permitem afetar as suas sessões de análise LAT antes ou durante a análise.

**Opções do menu ao nível da sessão do Navigator (Navegador)**




### Reanalisar com novo catálogo

Permite a reanálise de uma sessão utilizando um catálogo novo ou atualizado.




1. Clique com o botão direito do rato na sessão no Navigator (Navegador) do Fusion e selecione **Reanalyze using New Settings/Catalog** (Reanalisar utilizando novas definições/novo catálogo).
2. Dê outro nome à sessão, atribuindo-lhe uma nova **Session ID** (ID de sessão).
3. Clique na seta pendente no campo **New Catalog ID** (ID de novo catálogo) e selecione um novo catálogo da lista.
4. Clique no botão **Analysis** (Análise).

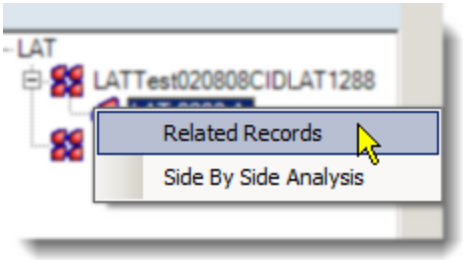
A sessão na qual clicou com o botão direito do rato é reanalisada utilizando uma nova ID de sessão com o catálogo que acabou de selecionar.

## Opções ao nível da amostra

As opções **Related Records** (Registos relacionados) e **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado) são apresentadas se clicar com o botão direito do rato numa amostra ativa no Navigator (Navegador), (em primeiro lugar, selecione a amostra com o botão esquerdo do rato):

### Registos relacionados

Um registo relacionado é um registo associado à amostra atual por ID de paciente ou de amostra.




**Nota:** Esta opção **está disponível também ao utilizar o botão da barra de ferramentas Related Records (Registos relacionados).**

- Selecione esta opção do menu para carregar todos os registos relacionados com a amostra atual na lista pendente Sample (Amostra). Utilize as setas de navegação da amostra para apresentar a análise de cada registo relacionado um por um.
- Para voltar a visualizar as amostras nas sessões atuais, clique na ligação **<<Summary** (Resumo) na parte superior da janela.

### Análise lado a lado

Utilize esta opção para comparar a análise da amostra atual com a análise de uma amostra realizada anteriormente.

**Nota:** Esta opção também está disponível ao utilizar o botão **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado) da barra de ferramentas.

- Selecione uma amostra para a comparar com a amostra atual.

  Em seguida, as duas janelas de análise são apresentadas em conjunto numa janela de comparação.
- Cada janela pode ser redimensionada e movida arrastando e largando.

Clique novamente no botão da barra de ferramentas **Side-By-Side Analysis** (Análise lado a lado) para cancelar a apresentação de comparação.

# Análise LCT

A função de análise LCT do programa analisa valores de reação introduzidos manualmente como uma nova sessão. Os resultados da análise baseiam-se nas especificações do catálogo fornecidas com o software HLA Fusion.

Existem alguns pontos que devem ser concluídos ou verificados antes de iniciar uma sessão de análise:

- Certifique-se de que possui os ficheiros de catálogo mais recentes, bem como o código NMDP, código local (se utilizado) ou ficheiros de referência equivalentes de serologia antes de analisar. Poderá transferir ou atualizar catálogos na Página inicial do LCT.

- Visualize e modifique as definições globais de configuração do produto antes de iniciar a análise. As definições globais são apresentadas e podem ser modificadas na página inicial do LCT. As definições globais aplicam-se a todas as novas sessões importadas.

- Poupe tempo ao importar catálogos e ficheiros verificando se os URLs e os caminhos predefinidos indicam os locais onde estes ficheiros são normalmente armazenados no seu sistema ou rede. Estas definições também podem ser modificadas na secção General Configurations (Configurações gerais) da página inicial predefinida do Fusion.

**Nota:** Algumas das tarefas acima requerem privilégios de Utilizador supervisor. Poderá ter de verificar junto do seu supervisor se estas tarefas foram concluídas.

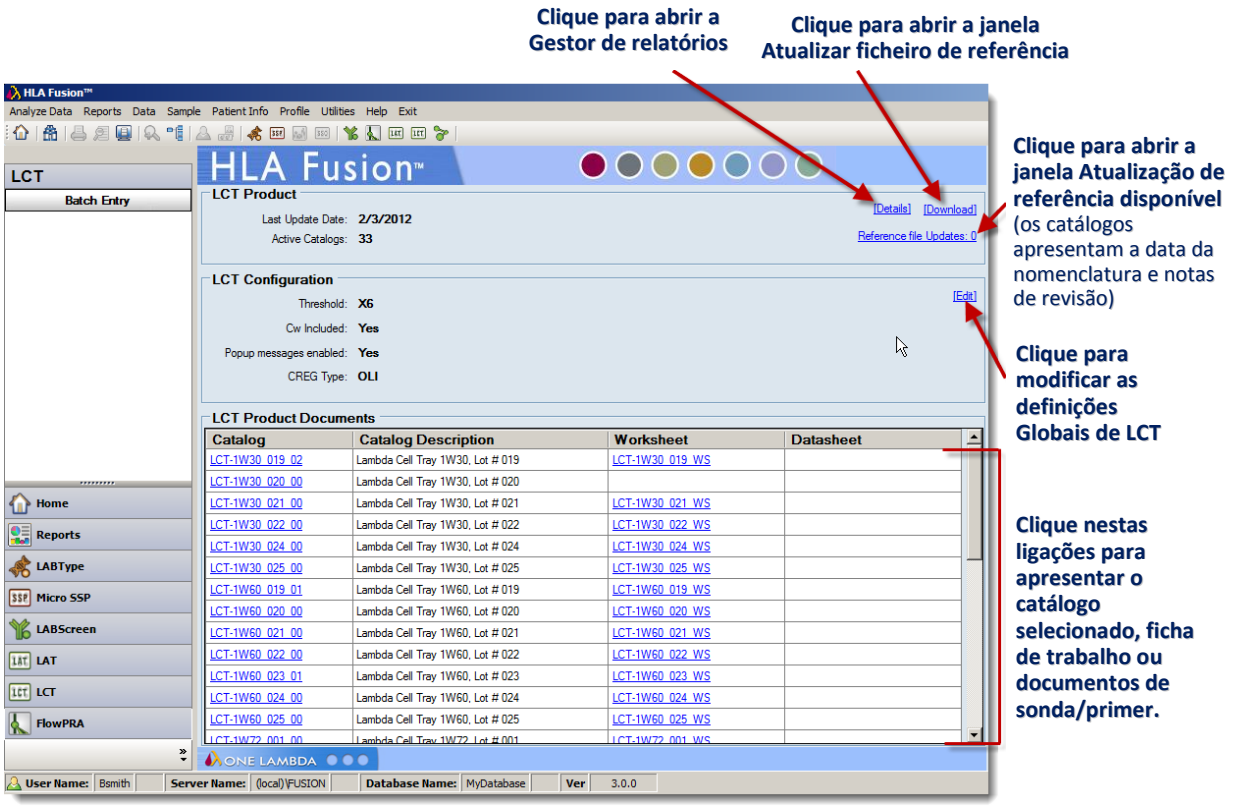
# Iniciar a análise LCT

## Adquirir dados LCT

1. Selecione o botão **LCT** no painel da página inicial ou na barra de ferramentas do Fusion .

É apresentada a página inicial do LCT.

**Nota:** Se não estiver a utilizar a interface de utilizador predefinida do Fusion, os dados e ligações apresentados do lado direito da janela não são apresentados.

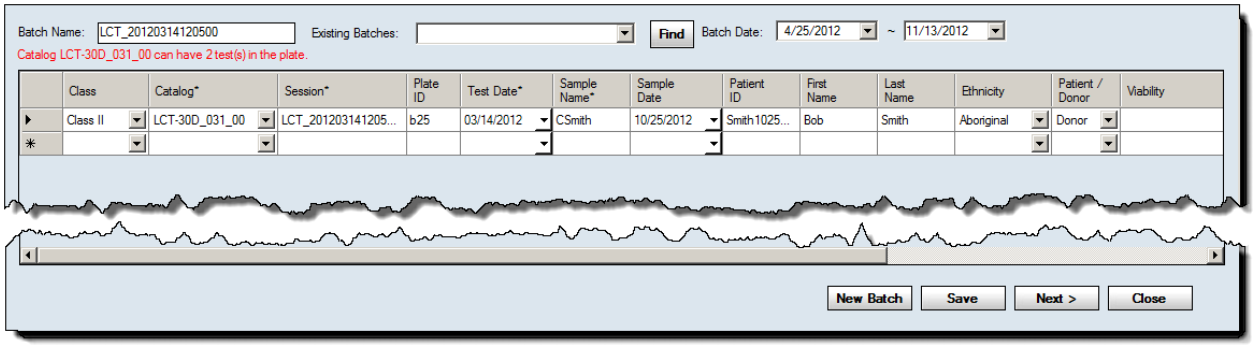



A Página inicial do LCT

**Nota:** Abra as fichas de trabalho e as fichas de sonda/primer para verificar a exatidão dos números de revisão (estes documentos não contêm um número de revisão no respetivo nome de ficheiro).

2. Clique no botão **Batch Entry** (Introdução de lote).

É apresentado o ecrã Batch Entry (Introdução de lote) do LCT.




Observe que o Fusion designou automaticamente um nome da sessão. Opcionalmente, pode alterar o nome da sessão.

**Nota:** Uma ID de sessão deve ser exclusiva na base de dados do Fusion. Se a ID de sessão já existir, o software pede-lhe que altere o nome da sessão. Recomenda-se vivamente que não utilize carateres especiais neste campo, uma vez que podem desempenhar uma função específica enquanto separadores de campo.

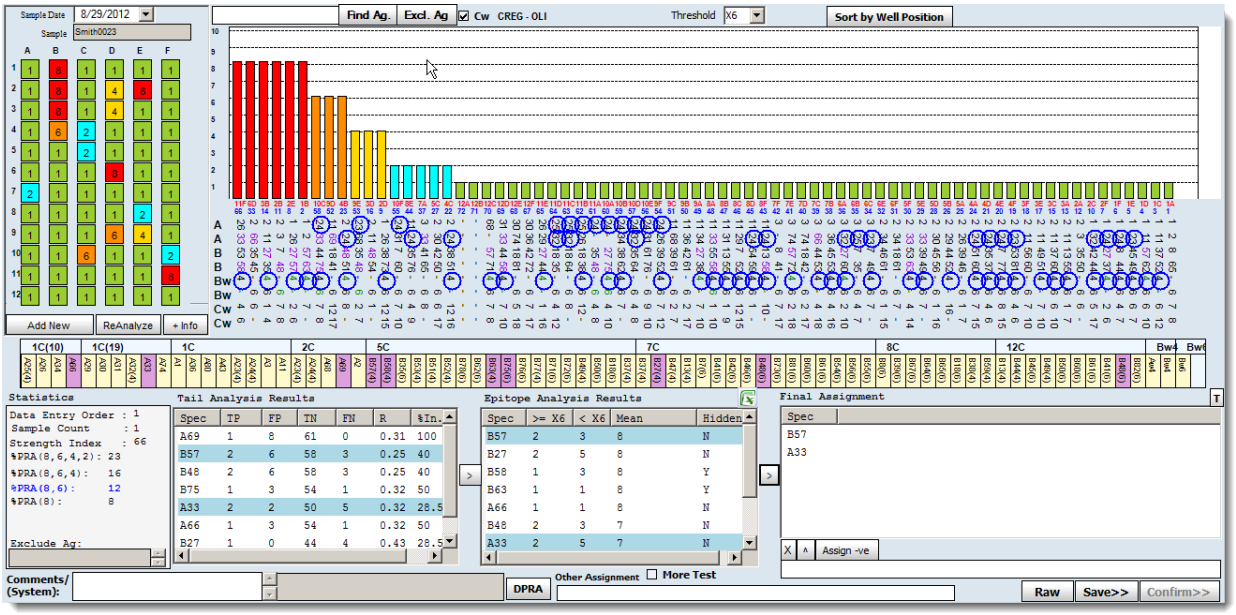
3. Utilize o menu pendente no campo **Catalog** (Catálogo) para selecionar um ficheiro de catálogo.

**Nota:** Se for necessário importar mais catálogos, clique na ligação **Download**(Transferir) na página inicial do LCT.

A lista pendente de catálogos pode não ser imediatamente atualizada se tiver transferido os catálogos durante esta sessão de importação. Pode ser necessário clicar no botão **Home** (Início) e, em seguida, clicar novamente no botão **LCT** para voltar ao processo de importação.

4. Aceite a data atual ou selecione uma data de teste diferente e clique em **Next>** (Seguinte). É apresentada a janela de análise para esta sessão.

**Janela de análise do LCT**



Cada sessão do LCT consiste em tantas amostras quantas pretende analisar com as mesmas informações de catálogo.

## Ecrã de resumo da sessão do LCT

É possível apresentar a Tabela de resumo ao clicar numa sessão na árvore de navegação. Lista cada amostra na sessão. Esta opção permite-lhe analisar rapidamente uma sessão e guardá-la para revisão posterior e atribuições finais.

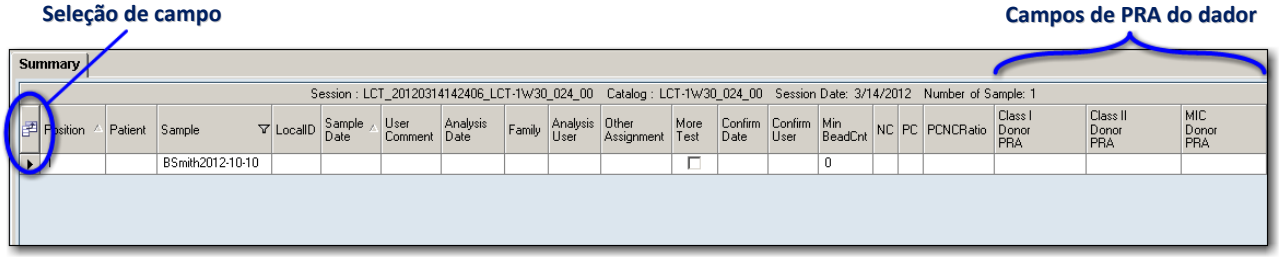
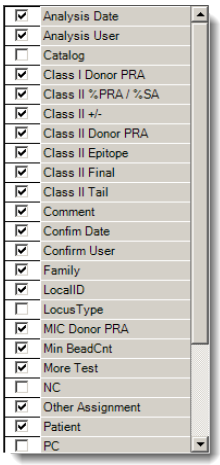



**Tabela de resumo da sessão do LCT**

- Clique duas vezes numa amostra na Tabela de resumo ou num ponto de dados para ir diretamente para o ecrã de análise para esta amostra.
- Percorra a lista para a esquerda ou direita para ver todos os campos da Tabela de resumo.
- Clique no botão **Field Chooser** (Seleção de campo) do lado esquerdo da fila de cabeçalho da coluna. É apresentada a janela **Field Chooser** (Seleção de campo). Nesta janela, pode selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação junto aos cabeçalhos das colunas para incluir ou excluir essas colunas da Tabela de resumo. Selecionar ou anular a seleção das caixas de verificação nesta janela atualiza instantaneamente a tabela.

**Nota:** Se não vir um determinado campo disponível através da seleção de campo e tiver a certeza de que deveria existir, aceda a C:\HLA Fusion\temp e elimine o ficheiro com o nome **`X_X_X(tipo de antigénio)_Layout.xml`**.

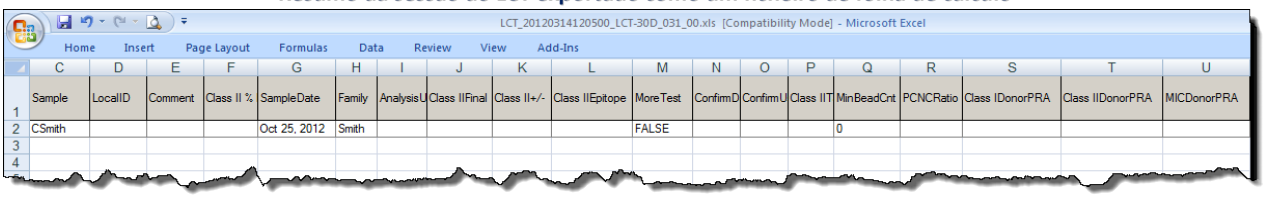


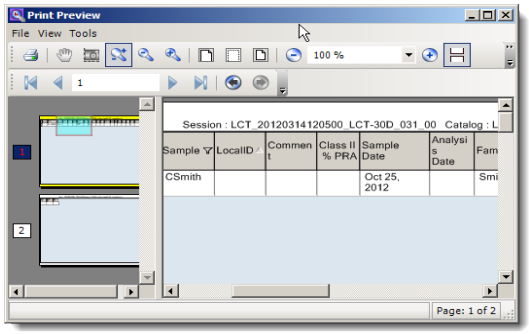

**Resumo da sessão do LCT Seleção de campo**

- Clique no cabeçalho da coluna da Tabela de resumo para ordenar a tabela por essa coluna. A seta no cabeçalho da coluna indica a ordem: seta para cima para ordem ascendente e seta para baixo para ordem descendente. Também é possível arrastar e largar as colunas para alterar a sua ordem.
- É possível modificar as colunas e a ordem da tabela de resumo da sessão. Quando fecha a opção **Field Chooser** (Seleção de campo), é apresentada uma mensagem de contexto para permitir que o utilizador guarde ou não as alterações efetuadas. Se clicar em **Yes** (Sim), as suas alterações são guardadas para todos os futuros resumos da sessão do LCT neste mesmo computador até se guardarem outras modificações.
- Clique no botão **Export** (Exportar) para guardar a Tabela de resumo no seu computador ou na rede (a localização predefinida é C:\OLI FUSION\data\report). O ficheiro é guardado no formato Excel (*.XLS).

- Clique em **Print** (Imprimir) para imprimir um relatório da Tabela de resumo.
- Clique em **Preview** (Pré-visualizar) para visualizar um relatório da Tabela de resumo.

**Resumo da sessão do LCT exportado como um ficheiro de folha de cálculo**


LCT_20120314120500_LCT-30D_031_00.xls [Compatibility Mode] - Microsoft Excel
Home Insert Page Layout Formulas Data Review View Add-Ins
Sample LocalID Comment Class II % SampleDate Family AnalysisU Class IIFinal Class II+/- Class IIEpitope MoreTest ConfirmD ConfirmU Class IIT MinBeadCnt PCNCRatio Class IDonorPRA Class IIDonorPRA MICDonorPRA
CSmith Oct 25, 2012 Smith FALSE 0


Print Preview
File View Tools
100 %
Session : LCT_20120314120500_LCT-30D_031_00 Catalog : L
Sample LocalID Comment Class II % PRA Sample Date Analysis Date Fam
CSmith Oct 25, 2012 Smi
Page: 1 of 2

**Pré-visualização da impressão do resumo da sessão do LCT**

- Na janela de pré-visualização da impressão, a barra de deslocamento de visualização de páginas do lado esquerdo permite-lhe selecionar diferentes páginas do relatório.

- É possível modificar as colunas e a ordem da Tabela de resumo. Pode guardar quaisquer modificações efetuadas no esquema ao clicar no botão **Save Layout** (Guardar esquema)

. As suas alterações são guardadas para todas as futuras tabelas de resumo da sessão do LCT neste mesmo computador até serem guardadas outras alterações.

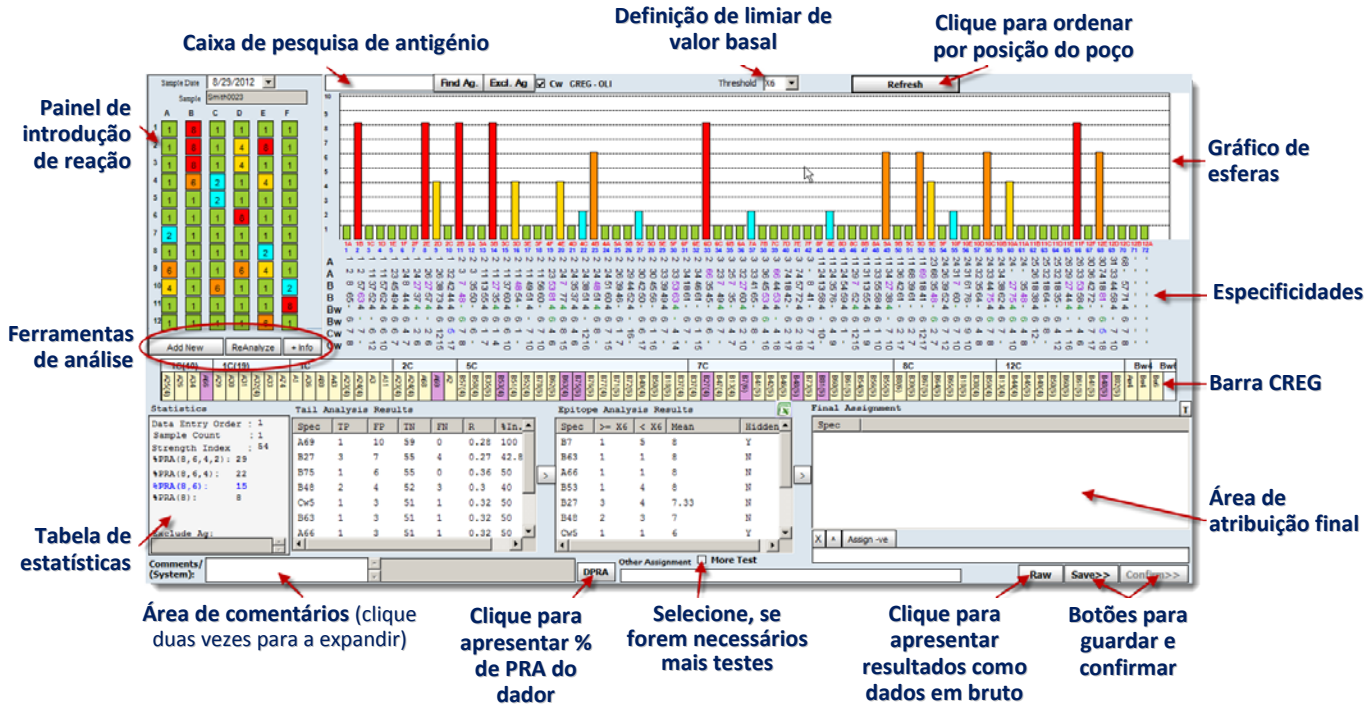
- Se pretende excluir uma amostra de uma sessão de análise, selecione a caixa de verificação **Exclude** (Excluir) junto a essa amostra. A amostra continua a ser apresentada na lista de amostras do Relatório, por isso, para evitar que seja incluída nos dados do relatório, não selecione a amostra durante a criação do relatório.

**Nota:** Certas colunas de dados são consideradas essenciais e não podem ser excluídas para além do período de visualização atual da Tabela de resumo. Se excluir um destes campos, a sua coluna não é apresentada até navegar para outro lado na aplicação. Se regressar a esta Tabela de resumo a partir de uma janela de análise de amostras ou do Navigator (Navegador), essa coluna é novamente apresentada. As colunas de dados consideradas essenciais são específicas ao produto.

# Utilizar a janela de análise do LCT

Para cada amostra de LCT na sessão atual, pode visualizar os dados de teste, ajustar o valor de interrupção e atribuir resultados de rastreio. É possível efetuar várias tarefas a partir da janela de análise do LCT:

- Rever dados e atribuir especificidades
- Colocar um círculo nos antigénios na tabela de especificidades
- Visualizar especificidades moleculares
- Visualizar resultados de rastreio
- Adicionar comentários e identificar a amostra para a realização de testes adicionais
- Visualizar um relatório para a amostra atual


Caixa de pesquisa de antigénio
Definição de limiar de valor basal
Clique para ordenar por posição do poço
Painel de introdução de reação
Gráfico de esferas
Especificidades
Ferramentas de análise
Barra CREG
Área de atribuição final
Tabela de estatísticas
Área de comentários (clique duas vezes para a expandir)
Clique para apresentar % de PRA do dador
Selecione, se forem necessários mais testes
Clique para apresentar resultados como dados em bruto
Botões para guardar e confirmar

A janela de análise do LCT

## Painel de introdução de reação e análise

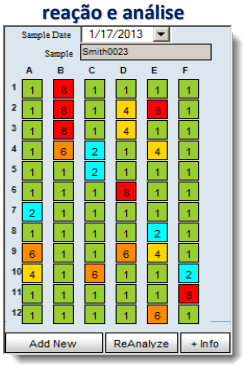
O painel no canto superior esquerdo da janela apresenta cada agrupamento de esferas do teste num separador separado. Cada esfera é listada com o botão de especificidade e reação.

Para alternar entre os painéis, clique no separador do grupo de esferas selecionado.

Depois de clicar, a reação para a esfera selecionada muda entre os seguintes números e cores:

- 1 (**verde**)
- 8 (**vermelho**)
- 6 (**laranja**)
- 4 (**dourado**)
- 2 (**azul claro**)
- 0 (**cinzento**)

Painel de introdução de reação e análise



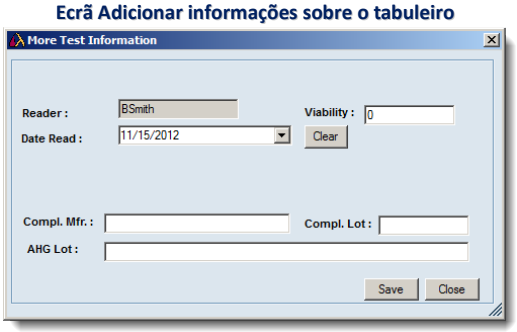

- Se alterar um botão de reação, o enfoque muda para o botão seguinte. Pode igualmente introduzir manualmente as reações, em vez de clicar nos botões.
- Este painel lança a análise da amostra atual utilizando as alterações mais recentes na reação.
- Se a amostra ainda não tiver sido analisada, o botão é identificado como **Analyze** (Analisar). Se já existir a análise para a amostra, o botão é identificado como **ReAnalyze** (Reanalisar). Este botão é ativado apenas quando tiver sido introduzida uma ID de amostra. Se ainda não tiver sido introduzida uma ID de amostra quando se clica neste botão, o campo de ID de amostra é assinalado com **!**, e não é efetuada qualquer análise.

### Adicionar informações sobre o tabuleiro

Pode adicionar informações sobre o tabuleiro atual, como a data de validade, ao clicar no botão **+Info** (Mais informações)

. É apresentada a caixa de diálogo seguinte quando clica neste botão, permitindo-lhe adicionar informações sobre este tabuleiro de amostras.

Ecrã Adicionar informações sobre o tabuleiro



### Localizar antigénio

Para introduzir vários antigénios, utilize um espaço para separar as entradas de antigénios. Todos os antigénios introduzidos são apresentados com um círculo no campo de especificidade. Clicar nas etiquetas para Tail Analysis Results (Resultados da análise caudal), Epitope Analysis Results (Resultados de análise de epítopos) ou Final Assignment (Atribuição final) cria círculos em redor das especificidades listadas na área de resultados. Clicar na etiqueta "Exclude Antigen" (Excluir antigénio) coloca um círculo nos antigénios excluídos.

**Nota:** Se utilizar a função Find Antigen (Localizar antigénio) enquanto a janela está a apresentar especificidades moleculares, não é possível ver os antigénios identificados com círculo até anular a seleção da caixa de verificação DNA (ADN).

1. Na janela de análise, introduza os antigénios ou grupos CREG (por ex., 1C ou 2C) no campo junto ao botão **Find Ag** (Localizar antigénio).


2. Clique no botão **Find Ag** (Localizar antigénio)
 para colocar um círculo nos antigénios ou grupos CREG introduzidos.

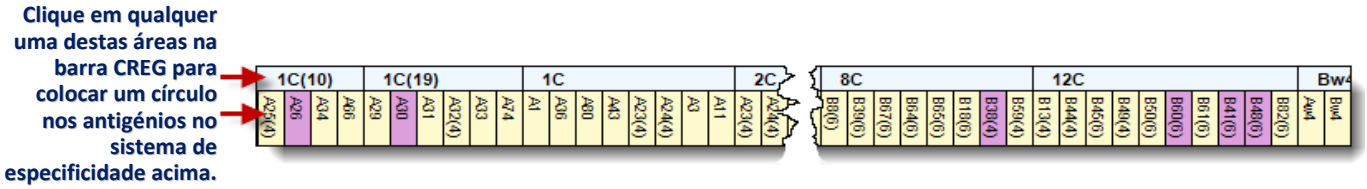
Clique novamente no botão **Find Ag** (Localizar antigénio) para remover os círculos dos antigénios no campo de especificidade.

### Tabela CREG

Os grupos CREG são apresentados na parte superior da tabela, com as especificidades para o grupo apresentadas abaixo. As especificidades são realçadas numa das seguintes cores.

**Nota:** Se pretender ocultar a visualização da barra CREG, clique no título CREG na parte superior da janela. É apresentada uma caixa de diálogo perguntando-lhe se pretende ocultar a barra CREG. Clique em **Yes** (Sim) para a ocultar. Para voltar a visualizá-la, clique novamente no título CREG e clique no botão **Yes** (Sim) para a mostrar.

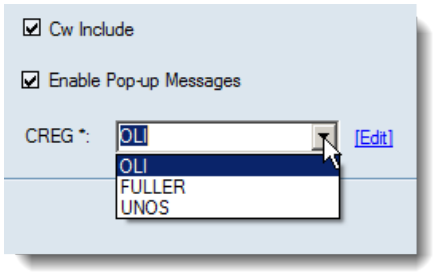
- **Roxo** = Atribuições positivas da caixa Epitope Analysis Results (Resultados da análise de epítopos)
- **Cor de rosa** = Atribuições caudais que são mascaradas pela análise de epítopos
- **Azul** = Atribuições de Cw
- **Verde** = Atribuições de Bw4 e Bw6




1. Clique num grupo CREG ou em antigénios para colocar um círculo nas especificidades correspondentes.
2. Clique com o botão direito do rato num antigénio para mover a especificidade para a caixa **Final Assignments** (Atribuições finais).

Proceda da seguinte forma se pretender utilizar uma tabela CREG diferente:

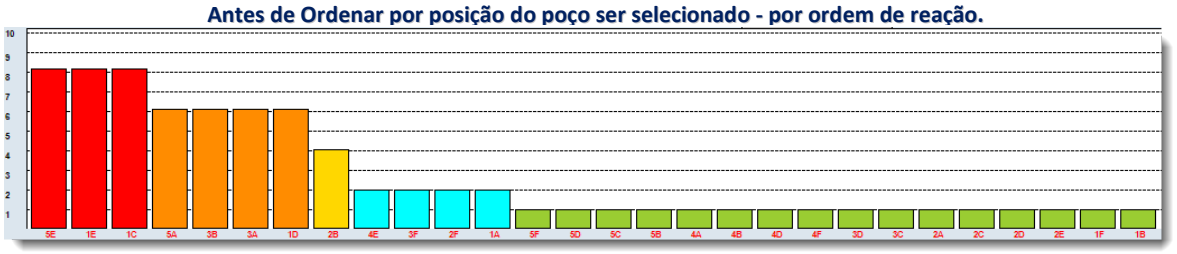
1. Clique no botão da página inicial do **LCT** ou selecione **Utilities > Antibody Product Configuration > Set Analysis Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos de anticorpos >Definir a configuração da análise).
2. Na página inicial, clique na ligação **Edit** (Editar) para apresentar a caixa de diálogo **Analysis Configuration Settings** (Definições de configuração da análise). (Esta caixa de diálogo já é visualizada se estiver a aceder à mesma através do menu Utilities [Acessórios].)
3. Selecione uma tabela na lista pendente CREG.
4. Clique em **Save** (Guardar).

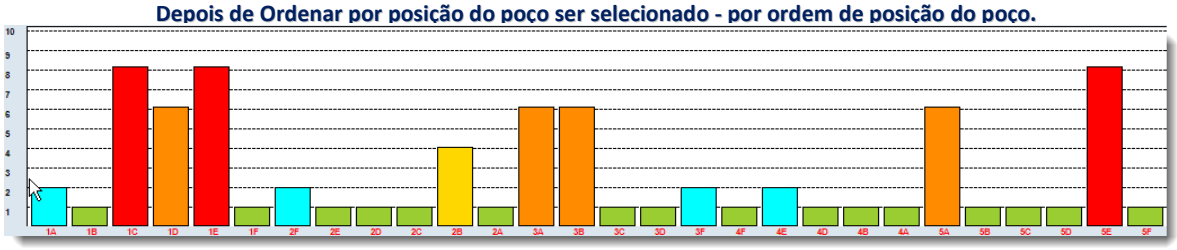



### Ordenar por posição do poço

Este botão é apresentado quando o histograma está atualmente ordenado por reação. Ao clicar no mesmo, ordena o histograma por posição do poço e o botão é identificado como **Refresh** (Atualizar).

1. Na janela de análise, clique no botão **Sort by Well Position** (Ordenar por posição do poço) Sort by Well Position.
2. Para voltar a ordenar por reação, clique no botão Refresh (Atualizar) Refresh.



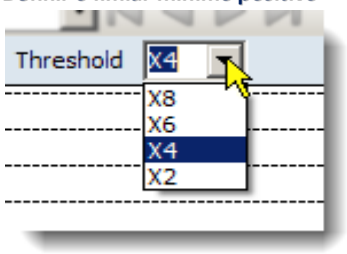



### Selecionar o limiar mínimo positivo

Pode alterar o limiar mínimo positivo utilizando o menu pendente.

- Na janela de análise, selecione um novo limiar positivo na lista pendente **Threshold** (Limiar), junto às ferramentas de análise próximo da parte superior da janela. A amostra é reanalisada de acordo com o novo limiar. Os efeitos da alteração do limiar são visualizados nas caixas de resultados.

Definir o limiar mínimo positivo

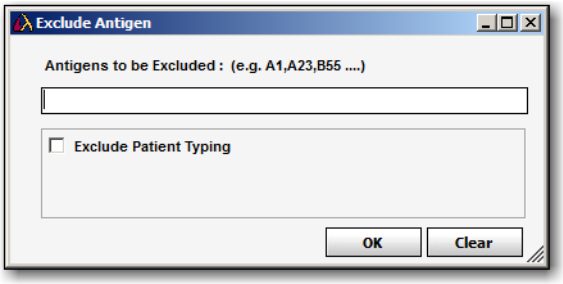



### Excluir antigénios da análise

Todos os antigénios introduzidos são excluídos da análise. Para introduzir vários antigénios, utilize uma vírgula para separar as entradas de antigénios.

1. Na janela de análise, clique no botão **Excl. Ag** (Excluir antigénio)

. É apresentada a caixa de diálogo Exclude Antigen (Excluir antigénio).




Definição para excluir antigénio

Introduza os antigénios que pretende excluir e clique em **OK**.

**Nota:** Para excluir também todos os antigénios de tipologia para o paciente associado, selecione a caixa de verificação **Exclude Patient Typing** (Excluir tipologia de paciente).

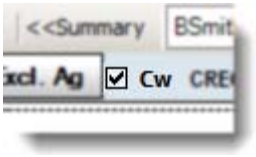
A amostra é reanalisada e os antigénios excluídos são listados no campo Excluded Antigens (Antigénios excluídos) debaixo da caixa de estatísticas da análise.

Para incluir estes antigénios novamente, clique de novo no botão **Excl. Ag** (Excluir antigénio), clique em **Clear** (Limpar) para remover os antigénios do campo e, em seguida, clique em **OK** para reanalisar com estes antigénios incluídos.

### Incluir/excluir Cw

Por optar por incluir ou excluir especificidades de antigénios Cw da análise.

1. Próximo da parte superior da janela de análise, selecione a caixa de verificação **Cw** ☑ Cw para reanalisar com as especificidades Cw.




2. Anule a seleção da caixa de verificação **Cw** ☐ Cw para reanalisar sem as especificidades Cw.

### Tabela de dados em bruto

As esferas positivas são apresentadas em texto vermelho. As filas realçadas a amarelo apresentam valores normalizados acima do valor mínimo introduzido na caixa Min Value (Valor mínimo). As alterações efetuadas na fórmula de normalização e no valor normalizado mínimo aplicam-se apenas à tabela de dados em bruto e não à análise.

1. Na janela de análise, clique no botão **Raw Data** (Dados em bruto) no canto inferior direito da janela de análise para apresentar a tabela de dados em bruto.
2. Clique num cabeçalho para ordenar a tabela por essa categoria.
3. Clique em ☒ no canto superior direito da tabela para fechar a janela e voltar à análise.

**Tabela de dados em bruto**

Raw Data Table

Sample : BSmith-01553 Patient : SB-2101
Session : LCT_20120330085145_LCT-60ABC_031_00 Test Date :
Catalog : LCT-60ABC_031_00 Pos. Threshold : X2

| Well Position | Well Order | Cell I.D. | Raw | Rxn | S1 | S2 | S3 | S4 | S5 | S6 | S7 | S8 |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| 1A | 001 | 25739 | 6 | 6 | A1 | A2 | B35 | B63 | Bw4 | Bw6 | Cw4 | Cw7 |
| 1B | 002 | 25778 | 1 | 1 | A1 | A23 | B49 | B57 | Bw4 | | Cw7 | |
| 1C | 003 | 25804 | 1 | 1 | A1 | A26 | B38 | B73 | Bw4 | Bw6 | Cw12 | Cw15 |
| 1D | 004 | 25817 | 1 | 1 | A1 | A29 | B8 | B45 | | Bw6 | Cw6 | Cw7 |
| 1E | 005 | 25826 | 1 | 1 | A1 | A32 | B42 | B44 | Bw4 | Bw6 | Cw5 | Cw17 |
| 1F | 006 | 25796 | 1 | 1 | A1 | A33 | B8 | B62 | | Bw6 | Cw7 | Cw10 |
| 2F | 007 | 25769 | 1 | 1 | A1 | A66 | B50 | B58 | Bw4 | Bw6 | Cw4 | Cw7 |
| 2E | 008 | 25707 | 1 | 1 | A1 | A68 | B7 | B27 | Bw4 | Bw6 | Cw2 | |
| 2D | 009 | 25828 | 8 | 8 | A1 | A68 | B18 | B57 | Bw4 | Bw6 | Cw6 | Cw7 |
| 2C | 010 | 25782 | 8 | 8 | A2 | A11 | B13 | B46 | Bw4 | Bw6 | Cw1 | Cw6 |
| 2B | 011 | 25789 | 1 | 1 | A2 | A11 | B13 | B55 | Bw4 | Bw6 | Cw1 | Cw7 |
| 2A | 012 | 25801 | 1 | 1 | A2 | A11 | B56 | B60 | | Bw6 | Cw7 | Cw10 |
| 3A | 013 | 25834 | 6 | 6 | A2 | A11 | B58 | B60 | Bw4 | Bw6 | Cw10 | |
| 3B | 014 | 25745 | 1 | 1 | A2 | A23 | B53 | B81 | Bw4 | Bw6 | Cw4 | Cw6 |

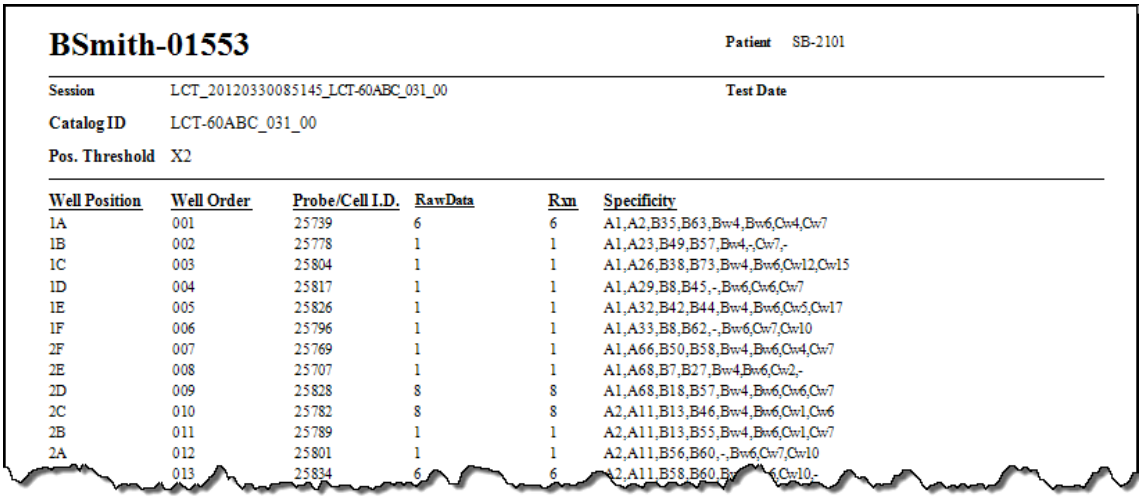
Report Print Screen Close

### Relatório de dados em bruto

Para navegar, exportar e imprimir mais facilmente, pode criar um relatório que contenha informações de dados em bruto para a amostra atual.

1. Quando for apresentada a Tabela de dados em bruto, clique no botão **Report** (Relatório) no canto inferior direito da janela Raw Data Table (Tabela de dados em bruto) para apresentar um relatório dos dados em bruto.

**Relatório de dados em bruto de LCT**



**BSmith-01553** Patient SB-2101

Session LCT_20120330085145_LCT-60ABC_031_00 Test Date

Catalog ID LCT-60ABC_031_00

Pos. Threshold X2

| Well Position | Well Order | Probe/Cell I.D. | RawData | Rxn | Specificity |
|---|---|---|---|---|---|
| 1A | 001 | 25739 | 6 | 6 | A1,A2,B35,B63,Bw4,Bw6,Cw4,Cw7 |
| 1B | 002 | 25778 | 1 | 1 | A1,A23,B49,B57,Bw4,-,Cw7,- |
| 1C | 003 | 25804 | 1 | 1 | A1,A26,B38,B73,Bw4,Bw6,Cw12,Cw15 |
| 1D | 004 | 25817 | 1 | 1 | A1,A29,B8,B45,-,Bw6,Cw6,Cw7 |
| 1E | 005 | 25826 | 1 | 1 | A1,A32,B42,B44,Bw4,Bw6,Cw5,Cw17 |
| 1F | 006 | 25796 | 1 | 1 | A1,A33,B8,B62,-,Bw6,Cw7,Cw10 |
| 2F | 007 | 25769 | 1 | 1 | A1,A66,B50,B58,Bw4,Bw6,Cw4,Cw7 |
| 2E | 008 | 25707 | 1 | 1 | A1,A68,B7,B27,Bw4,Bw6,Cw2,- |
| 2D | 009 | 25828 | 8 | 8 | A1,A68,B18,B57,Bw4,Bw6,Cw6,Cw7 |
| 2C | 010 | 25782 | 8 | 8 | A2,A11,B13,B46,Bw4,Bw6,Cw1,Cw6 |
| 2B | 011 | 25789 | 1 | 1 | A2,A11,B13,B55,Bw4,Bw6,Cw1,Cw7 |
| 2A | 012 | 25801 | 1 | 1 | A2,A11,B56,B60,-,Bw6,Cw7,Cw10 |
| | 013 | 25834 | 6 | 6 | A2,A11,B58,B60,Bw4,Bw6,Cw10,- |

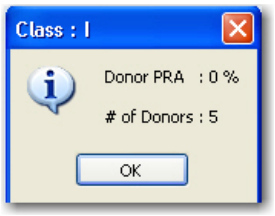
### PRA do dador

Pode apresentar a percentagem de PRA do dador disponíveis no sistema ou de grupos de dadores selecionados que correspondam aos anticorpos atribuídos por computador para a amostra atual.

**Nota:** Para selecionar um ou mais grupos de dadores, selecione **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais). Para criar um grupo de dadores, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações do paciente > Gerir paciente), seguido de **Donor** (Dador) no campo Patient/Donor (Paciente/Dador) e preencha o campo do grupo de dadores.

1. Para a análise de antigénio individual ou PRA, clique no botão **DPRA** DPRA.

**Mensagem de contexto DPRA**




Uma janela de contexto apresenta a percentagem de PRA do dador correspondentes e o número total de dadores que foi considerado no cálculo.

2. Clique em **OK** para fechar a caixa.

A percentagem e o número de dadores continuam a ser apresentados junto ao botão **Donor PRA** (PRA do dador).

### Adicionar comentários às amostras

Os comentários das amostras são apresentados para os resultados da amostra na sessão de análise atual em todas as funções de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

1. Na janela de análise, introduza os comentários da amostra no campo **Comments** (Comentários) abaixo da área Assignments (Atribuições).

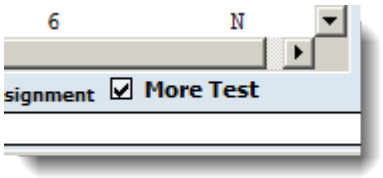
User Comment:
Campo de comentários padrão
Sample Comments
Low Bead Count,Invalid Test [Bead Count Failure = 49].
OK
Cancel
A janela de comentários é apresentada se clicar duas vezes no campo de comentários padrão.

Os comentários são guardados apenas quando clica em **Save** (Guardar).

### Sinalizar uma amostra para testes adicionais

Marcar uma amostra para a realização de testes adicionais apresenta a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes) para os resultados da amostra na sessão de análise atual em todas as funções de análise, procura de dados e criação de relatórios no HLA Fusion.

- Na janela de análise, assinale a caixa de verificação **More Tests** (Mais testes), localizada abaixo da área Assignments (Atribuições).




### Imprimir a janela de análise atual

O botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) imprime a janela de análise atualmente apresentada.

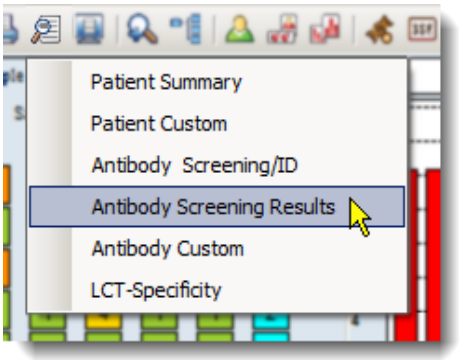
- Na janela de análise, clique no botão **Print Screen** (Imprimir ecrã) na barra de ferramentas para imprimir o ecrã de análise atual.

## Pré-visualizar e imprimir relatórios

Para visualizar ou imprimir um relatório de Dados mistos de rastreio de anticorpos para a amostra atual, utilize o botão Preview Report (Pré-visualizar relatório) na barra de ferramentas.

- Na janela de análise, clique no botão **Preview Report** (Pré-visualizar relatório) ou no botão **Print Report** (Imprimir relatório) para apresentar uma lista dos relatórios que pode imprimir ou pré-visualizar para a amostra atual.

**Pré-visualizar ou imprimir relatórios**




## Realizar atribuições finais

É possível realizar atribuições finais a partir das listas de resultados Tail (Caudal) ou Epitope (Epítopo). Depois de se mover uma especificidade para a área Final Assignments (Atribuições finais), deixa de ser apresentada na sua caixa de resultados inicial. Pode selecionar mais de uma especificidade num determinado campo de resultados ao manter premida a tecla Ctrl e ao clicar em várias especificidades.

Na janela de análise, proceda de uma das seguintes formas para realizar atribuições:

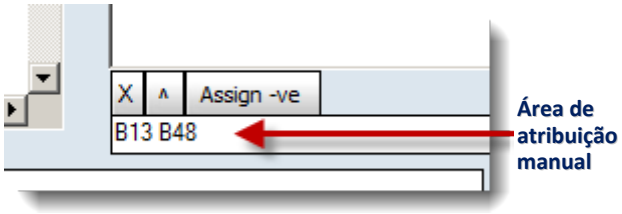
- Clique duas vezes numa especificidade de um antigénio na caixa de resultados **Tail** (Caudal) ou **Epitope Analysis** (Análise de epítopos) para atribuir o antigénio especificado ao campo **Final Assignment** (Atribuição final).
- Clique na especificidade para a realçar e clique no botão **Assign Single** (Atribuir simples) para a mover para o campo **Final Assignment** (Atribuição final).
- Clique no botão **Assign All** (Atribuir tudo) do lado direito da lista Tail (Caudal) ou Epitope (Epítopo) para mover todos os resultados atuais nessa lista para o campo **Final Assignments** (Atribuições finais).
- Clique com o botão direito do rato numa especificidade ou grupo CREG na Tabela CREG para a atribuir à área **Final Assignments** (Atribuições finais).

### Atribuições manuais

É possível introduzir atribuições manuais no campo abaixo do campo de resultados **Final Assignments** (Atribuições finais). Introduza várias atribuições manuais ao deixar um espaço entre cada especificidade.

1. Na janela de análise, introduza uma atribuição de especificidade de antigénio manual no campo por baixo da caixa Final Assignment (Atribuição final).

Clique no botão **Assign** (Atribuir) ^ , imediatamente acima do campo **Manual Assignment** (Atribuição manual) para adicionar a atribuição ao campo de resultados **Final Assignment** (Atribuição final).




### Atribuir valores negativos a amostras

É possível atribuir um valor negativo a uma amostra, mesmo que a análise apresente alguns resultados positivos.

- Na janela de análise, clique no botão **Assign -ve** (Atribuir valor negativo) Assign -ve, localizado imediatamente acima do campo Manual Assignment (Atribuição manual) para atribuir um valor negativo a todas as amostras na caixa de resultados Final Assignment (Atribuição final).

### Remover atribuições

É possível remover especificidades do campo de resultados **Final Assignments** (Atribuições finais). Pode remover mais de uma especificidade ao manter premida a tecla Ctrl Ctrl e ao clicar em cada especificidade que pretende remover.

- Na janela de análise, clique nas especificidades para as realçar na lista Final Assignment (Atribuição final), (mantenha premida a tecla CTRL para selecionar mais de uma) e clique no botão **Remove** X (Remover), localizado abaixo da caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

### Guardar atribuições

Os técnicos e supervisores de laboratório podem guardar resultados de análises para rever e aprovar posteriormente. As amostras guardadas estão disponíveis para confirmação *apenas* por parte de um supervisor de laboratório

- Na janela de análise, clique no botão **Save** (Guardar) Save>>, (localizado no canto inferior direito da janela de análise) para guardar os resultados da análise para todas as especificidades listadas atualmente no campo **Final Assignments** (Atribuições finais).

  O Fusion passa automaticamente para a amostra seguinte.

Para fins de confirmação, um supervisor tem de aceder à amostra para a qual guardou as atribuições. Se for necessário efetuar alterações, pode voltar à amostra em qualquer altura antes da confirmação. Clique no botão **Reanalyze** Reanalyze (reanalisar) e, em seguida, clique novamente no botão **Save** Save>> (Guardar).

### Confirmar atribuições

Os supervisores de laboratório podem confirmar os resultados das análises. Ao fazê-lo, as amostras são assinaladas como *Confirmed* (Confirmadas). O botão **Confirm** (Confirmar) é apresentado a roxo quando visualiza uma amostra confirmada.

- Na janela de análise, clique no botão **Confirm** (Confirmar) Confirm>>, localizado no canto inferior direito da janela, para confirmar todos os resultados das análises que foram guardados na caixa de resultados Final Assignments (Atribuições finais).

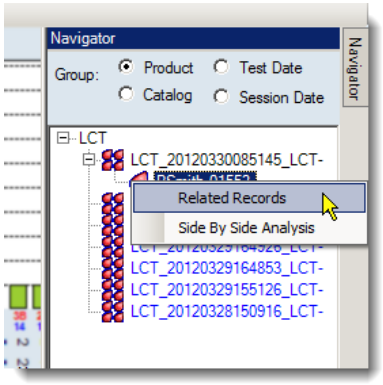
  Passa automaticamente para a amostra seguinte para continuar a confirmar os resultados.

  Quando voltar pela primeira vez a uma amostra confirmada, verá que o botão **Confirm** (Confirmar) está agora sombreado a roxo Confirm>> para informar que foi confirmada anteriormente.

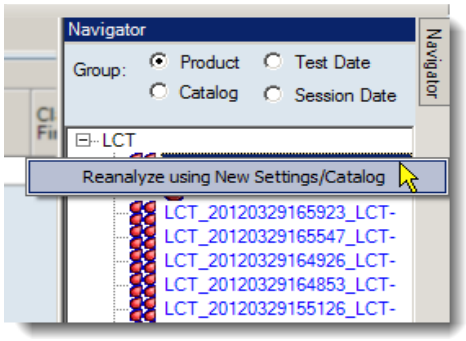
# Opções do menu do botão direito do rato do Navigator (Navegador) para sessões LCT

Estão disponíveis opções de análise através do Navigator (Navegador) — quer se encontre na vista de resumo da sessão LCT quer se encontre num ecrã de análise para uma amostra. Ao clicar com o botão direito do rato numa sessão ou amostra na janela Navigator (Navegador) quando é apresentado um resumo da sessão ou janela de análise, acede a opções do menu que lhe permitem afetar as suas sessões de análise LCT antes ou durante a análise.

**Clique com o botão direito do rato nas opções** (Nível da amostra)




**Clique com o botão direito do rato nas opções** (Nível da sessão)



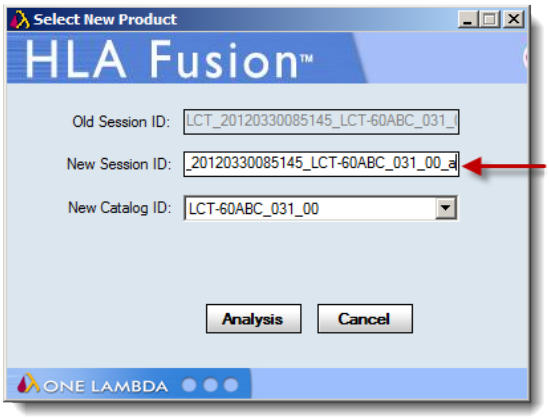

### Reanalisar com novo catálogo

Permite que a sessão seja reanalisada utilizando um ficheiro de catálogo novo ou atualizado.

1. Altere o nome da sessão.
2. Clique na seta pendente no campo **New Catalog ID** (ID de novo catálogo) e selecione um novo catálogo da lista.
3. Clique no botão **Analysis** (Análise).

A sessão na qual clicou com o botão direito do rato é reanalisada com o ficheiro de catálogo que acabou de selecionar.

**Reanalisar com um novo catálogo**




**Altere o nome da nova sessão para evitar nomes duplicados da sessão.**

## Opções ao nível da amostra

As opções do menu **Related Records** (Registos relacionados) e **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado) são apresentadas se clicar com o botão direito do rato numa amostra ativa no Navigator (Navegador), (em primeiro lugar, selecione a amostra com o botão esquerdo do rato):

### Registos relacionados

Um registo relacionado é um registo associado à amostra atual por ID de paciente ou de amostra.

**Nota:** Esta opção está disponível também ao utilizar o botão da barra de ferramentas **Related Records** (Registos relacionados) .

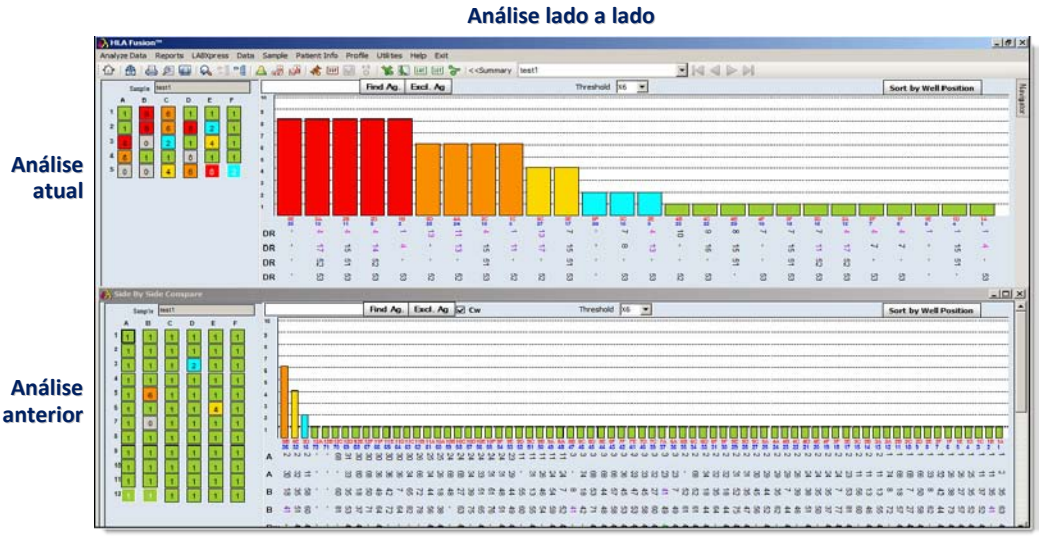
- Selecione esta opção do menu para carregar todos os registos relacionados com a amostra atual na lista pendente Sample (Amostra). Utilize as setas de navegação da amostra para apresentar a análise de cada registo relacionado um por um.
- Para voltar a visualizar as amostras nas sessões atuais, clique na ligação **<<Summary** (Resumo) na parte superior da janela.

### Análise lado a lado

Utilize esta opção para comparar a análise da amostra atual com a anteriormente realizada.

**Nota:** Esta opção está disponível também ao utilizar o botão da barra de ferramentas **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado) .

Análise lado a lado




1. Clique com o botão direito do rato numa amostra no Navigator (Navegador). É apresentada uma lista das amostras disponíveis.
2. Selecione uma análise de amostra anterior na lista apresentada para a comparar com a atual. Em seguida, as duas janelas de análise são apresentadas numa janela de comparação. Cada janela pode ser redimensionada e movida arrastando e largando. Clique no botão **Side By Side Analysis** (Análise lado a lado) da barra de ferramentas para cancelar a apresentação da comparação.

# Relatórios

O HLA Fusion™ fornece formatos de relatórios diferentes onde pode inserir os seus dados das análises e resultados. No menu Reports (Relatórios), pode efetuar o seguinte:

- Criar, imprimir e exportar relatórios para dados de análise para todos os produtos suportados.
- Criar resultados personalizados para os quais determina o tipo de conteúdo.
- Criar relatórios para submissão eletrónica, como relatórios NMDP HML.
- Guardar, no máximo, 18 relatórios numa lista My Favorites (Os meus favoritos) para acesso conveniente.
- Modificar a aparência de qualquer relatório, como tipos de letra, formatação e cores de fundo (apenas os supervisores).

Para além disso, em seguida encontrará algumas considerações a ter em conta antes de criar relatórios no HLA Fusion:

- A data do relatório encontra-se num tipo de letra diferente dos outros conteúdos do relatório. Isto é intencional para permitir que o campo de data do Crystal Report seja apresentado no formato PDF em várias definições regionais e de idiomas.
- Verifique os relatórios e os dados durante o processo de instalação e validação.
- Todos os ficheiros de relatórios são disponibilizados para que possa organizar e dimensionar os campos de forma a satisfazer as suas necessidades.

**Nota:** Para visualizar os relatórios, o seu computador tem de ter algum controlador de impressora instalado. Se não tiver um controlador de impressora instalado, pode transferir uma cópia gratuita do PDF Distiller em Adobe.com, ou Microsoft Office Document Image Writer em Microsoft.com. Além disso, pode imprimir e exportar estes relatórios da janela de análise ou resumo de lote.

As IDs de amostras, IDs de pacientes, IDs de poços, Alelos, Serologia, entre outros, são ordenados de forma alfanumérica nos relatórios, tal como acontece noutros formulários e listas do HLA Fusion.

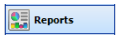
# Utilizar a janela de relatórios

As secções seguintes descrevem como criar, guardar e imprimir um relatório que contenha os dados da sua análise. Eis os passos principais que deve tomar para criar um relatório a partir desta janela:

1. Selecione um tipo de relatório.
2. Conforme necessário, selecione os critérios para refinar os dados do relatório, como intervalo de datas.
3. Selecione as sessões ou amostras para incluir no relatório.
4. Selecione o botão **View Report** (Ver relatório) ou **Export Report** (Exporta relatório)

### Aceder à janela de relatórios

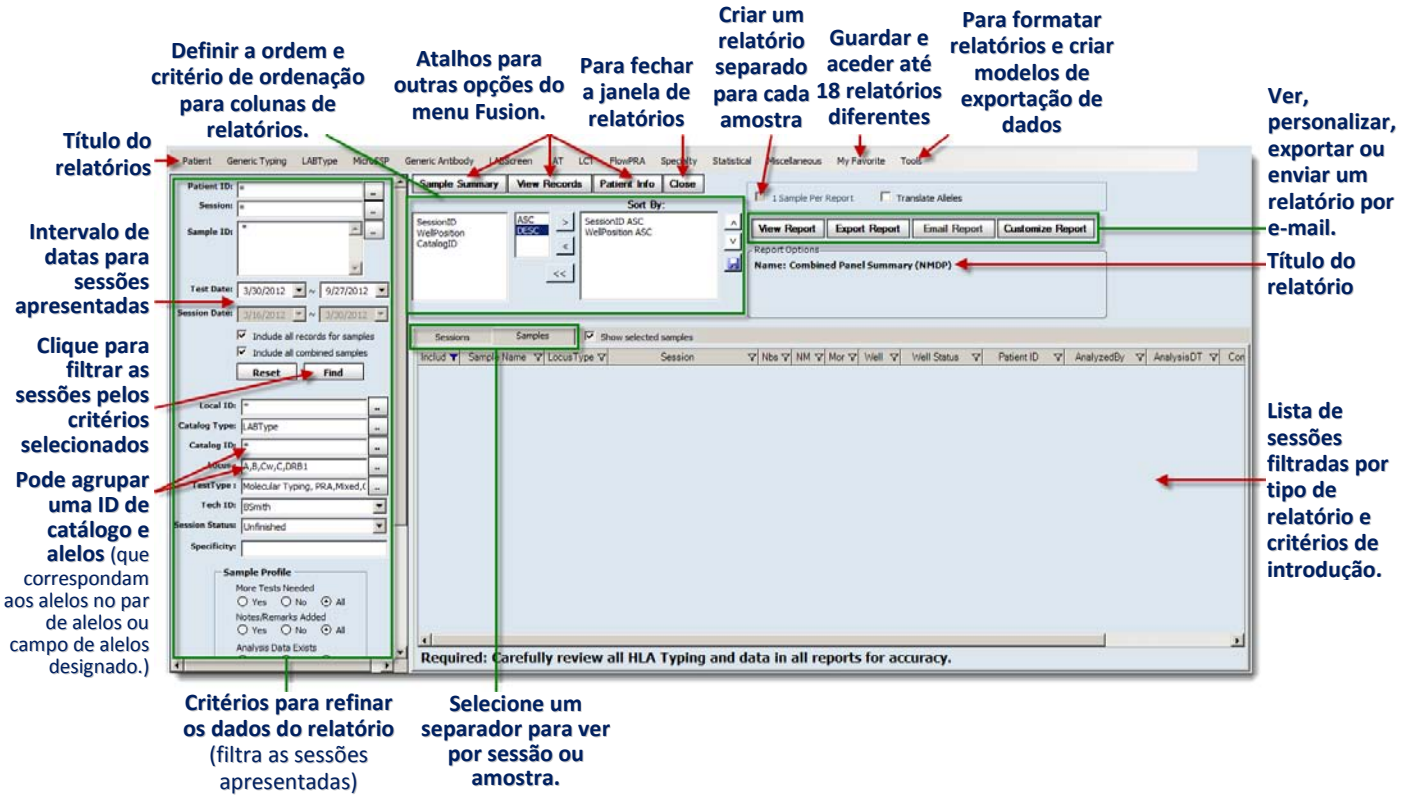
É possível aceder à janela Reports (Relatórios) através de uma de duas formas:

- Na página inicial, clique no botão **Reports** 

(Relatórios) no Fusion Explorer (Explorador do Fusion).
- Ou clique em,

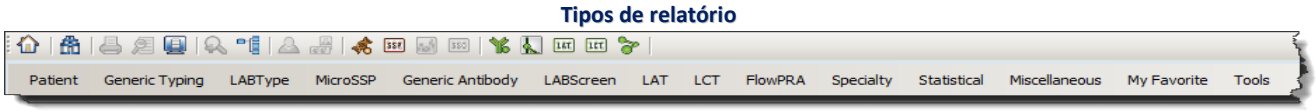
na barra de menu do Fusion.

É apresentada a janela **Reports** (Relatórios) com uma lista de quaisquer sessões que se encontrem dentro do intervalo de datas (com base no intervalo de datas definido na caixa de diálogo Find [Localizar]). Se não for apresentada nenhuma sessão, tente modificar o intervalo de datas.


Definir a ordem e critério de ordenação para colunas de relatórios.
Atalhos para outras opções do menu Fusion.
Para fechar a janela de relatórios
Criar um relatório separado para cada amostra
Guardar e aceder até 18 relatórios diferentes
Para formatar relatórios e criar modelos de exportação de dados
Título do relatórios
Intervalo de datas para sessões apresentadas
Clique para filtrar as sessões pelos critérios selecionados
Pode agrupar uma ID de catálogo e alelos (que correspondam aos alelos no par de alelos ou campo de alelos designado.)
Ver, personalizar, exportar ou enviar um relatório por e-mail.
Título do relatório
Lista de sessões filtradas por tipo de relatório e critérios de introdução.
Critérios para refinar os dados do relatório (filtra as sessões apresentadas)
Selecione um separador para ver por sessão ou amostra.
Sample Summary
View Records
Patient Info
Close
View Report
Export Report
Email Report
Customize Report
Name: Combined Panel Summary (NMDP)
Reset
Find
Required: Carefully review all HLA Typing and data in all reports for accuracy.

## Selecionar tipo de relatório

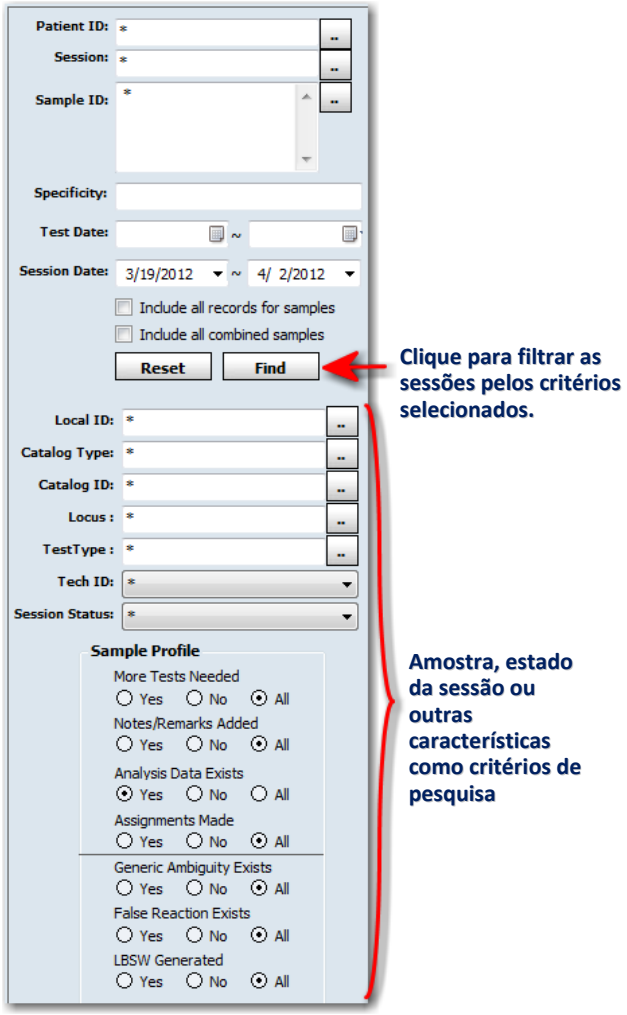
- Selecione um relatório nas opções de menu do tipo de relatório apresentadas na parte superior da janela **Reports** (Relatórios). A lista de sessões no painel direito da janela Reports (Relatórios) é filtrada para apresentar apenas as sessões relacionadas com o tipo de relatório selecionado.




## Refinar os dados do relatório

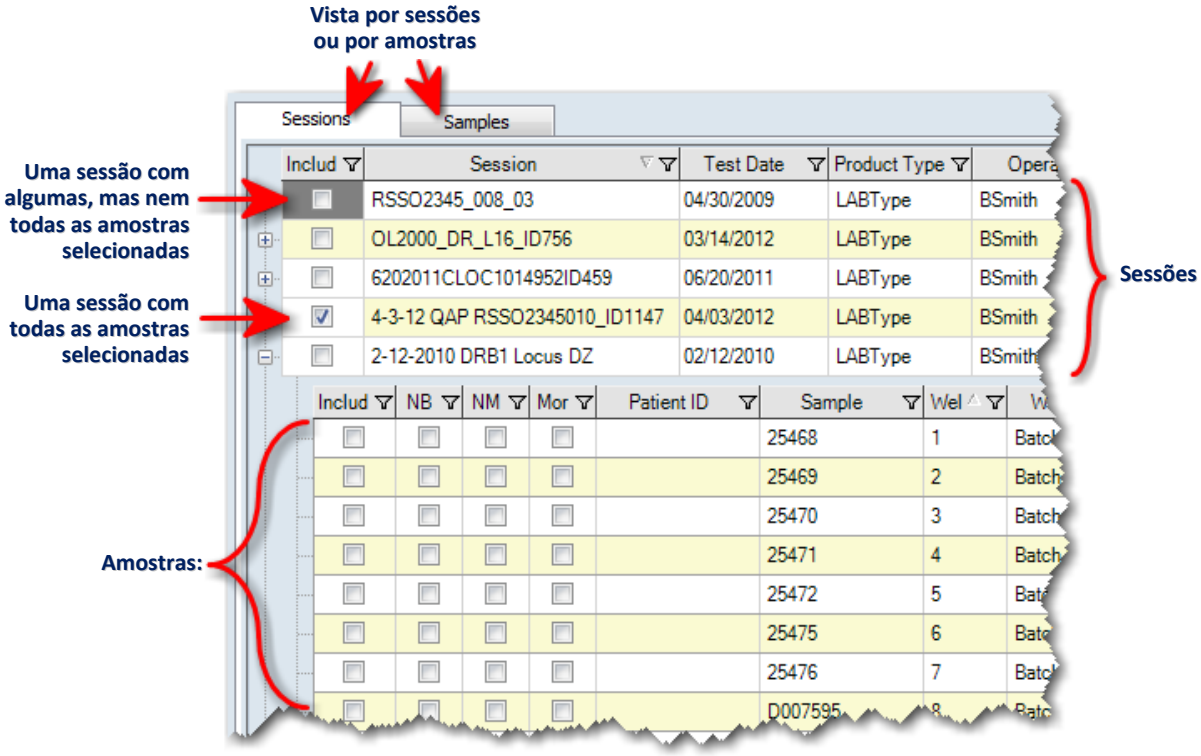
Se necessário, utilize o painel esquerdo da janela **Reports** (Relatórios) para filtrar adicionalmente as sessões que pretende incluir no seu relatório. Existe uma série de critérios que pode definir:

1. Introduza a ID de paciente, ID de sessão do ID de amostra nos respetivos campos ou procure as informações com o botão **Browse** ... (Procurar).
2. Ajuste o intervalo de datas. Utilize os calendários pendentes nos campos **Session Date** (Data da sessão) para selecionar uma data de início e fim diferente.
3. Introduza ou procure as caraterísticas ou estados da amostra ou sessão específicos (consulte abaixo).
4. Depois de definir os critérios e clicar no botão **Find** (Localizar) no painel esquerdo da janela **Reports** (Relatórios), a lista de sessões no painel direito da janela é filtrada em conformidade.



## Seleção de sessão/amostra

- Na lista de amostras/sessões, clique no sinal **+** junto a qualquer sessão para expandir a visualização para mostrar as suas amostras.

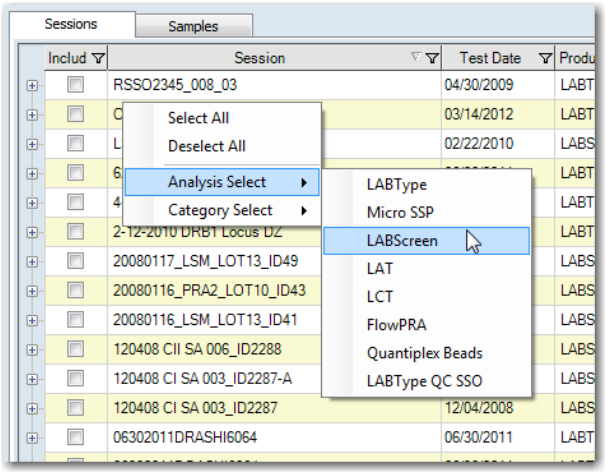



1. Selecione as caixas de verificação junto a cada amostra que pretende incluir num relatório. Selecione a caixa de verificação junto a uma ID de sessão para incluir todas as suas amostras, (Anule a seleção da caixa de verificação de qualquer amostra ou sessão que não pretende incluir no relatório.)

2. Se, pelo menos, uma amostra tiver sido selecionada para uma sessão, a célula **Include** (Incluir) para essa sessão é realçada a cinzento. Se todas as amostras para uma sessão forem selecionadas, existe uma caixa de verificação na célula Include In (Incluir em).

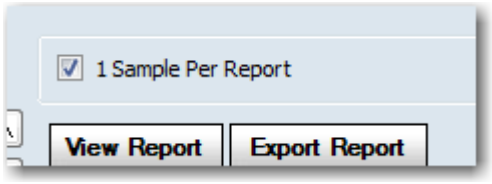
3. (Opcional) Para visualizar todas as amostras disponíveis ou para visualizar apenas as amostras que selecionou até ao momento, clique no separador **Samples** (Amostras) e selecione ou anule a seleção da caixa de verificação para **Show selected samples** (Mostrar amostras selecionadas).

4. Alternativamente, pode clicar com o botão direito do rato numa sessão ou amostra e aplicar uma das seguintes opções:




- **Select All** (Selecionar tudo)**:** selecionar todas as sessões e amostras para inclusão no relatório.
- **Deselect All** (Anular a seleção de tudo)**:** anular a seleção de todas as sessões e amostras da inclusão no relatório.
- **Analysis Select** (Seleção de análise)**:** especificar o tipo de relatório do produto de análise (LABType, Micro SSP, LABScreen, etc.)
- **Category Select** (Seleção de categoria)**:** escolher a categoria do relatório - molecular ou anticorpos.

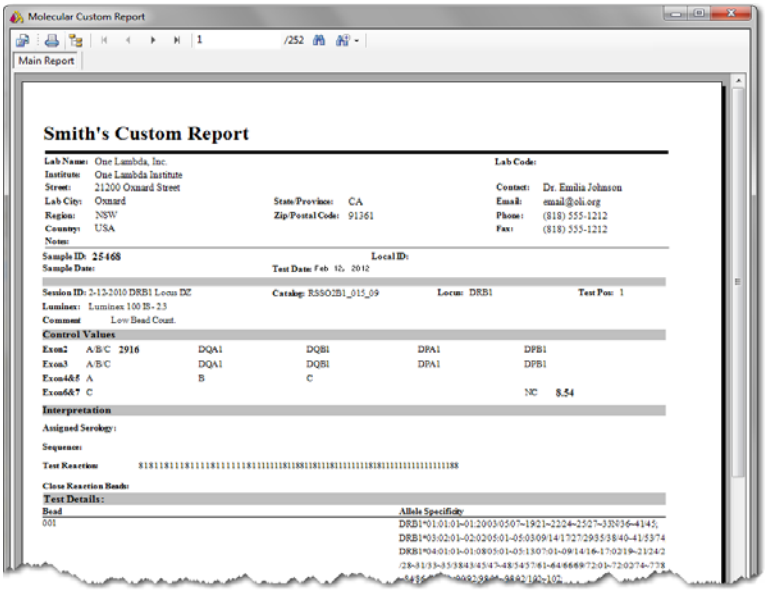
**Nota:** Para criar um relatório separado para cada amostra selecionada, selecione a caixa de verificação junto a **1 Sample per Report** (1 amostra por relatório).




## Ver, imprimir ou exportar relatórios

- Depois de escolher o tipo de relatório e de selecionar todas as amostras pretendidas, clique em **View Report** (Ver relatório). O relatório é apresentado numa janela separada, o **Report Viewer** (Visualizador de relatórios).

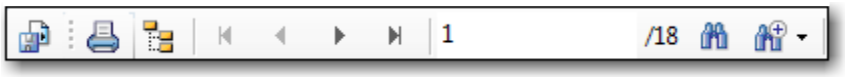
**Exemplo de um relatório visualizado no Report Viewer (Visualizador de relatórios)**



O Report Viewer (Visualizador de relatórios) contém vários botões de barra de ferramentas para lhe permitir exportar, imprimir e navegar no seu relatório.

A funcionalidade destes botões é descrita na tabela seguinte:

**Barra de ferramentas do Report Viewer (Visualizador de relatórios)**




| Botão da barra de ferramentas | A sua função |
|---|---|
| | **Exportar relatório:** Exporta os relatórios num dos vários formatos disponíveis, incluindo, Crystal Report, PDF e Microsoft Word. |
| | **Imprimir relatório:** Envia o relatório atual diretamente para a impressora. |
| | **Alternar árvore de grupo:** Abre um *painel em árvore* no lado esquerdo da janela Report Viewer (Visualizador de relatórios), que lista todas as amostras incluídas no relatório atual. |
| | **Navegador de páginas do relatório:** Se o relatório tiver várias páginas, estes botões permitem-lhe deslocar-se para a primeira página, para a página seguinte, para a página anterior ou para a última página. |
| | **Localizar texto:** Clicar neste botão abre uma caixa de texto que lhe permite pesquisar e localizar texto no relatório. |
| | **Zoom:** Clique na seta para baixo neste botão para escolher uma definição de zoom, ver uma página inteira do relatório ou ver por largura da página do relatório. |

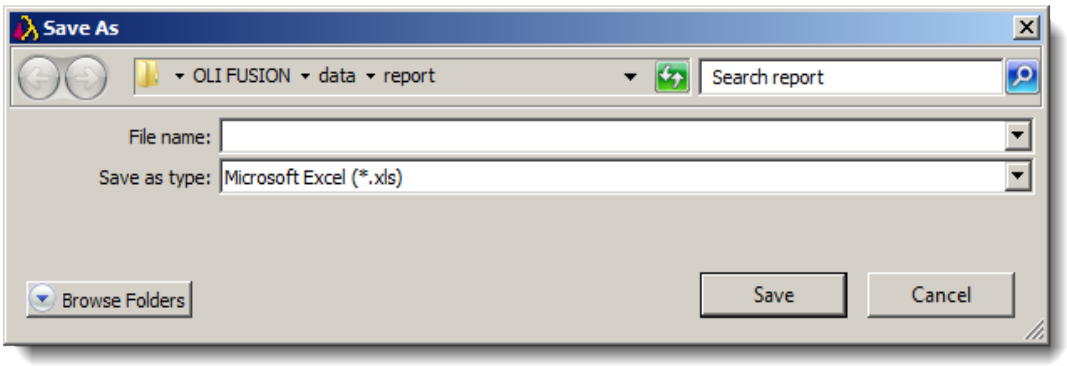
Para fechar a janela **Report Viewer** (Visualizador de relatórios), clique no botão **Close** (Fechar) no canto superior direito do visualizador.

### Exportar relatório

1. Clique no botão **Export Report** (Exportar relatório) quando pretender exportar um relatório num de vários formatos padrão. É apresentada a caixa de diálogo **Select Output Directory and Save Type** (Selecionar diretório de saída e guardar tipo).



Ecrã Guardar como de destino/ficheiro de relatório exportado




1. Introduza um nome para o relatório atual exportado ou procure um ficheiro de relatório a exportar.
2. Selecione um formato na lista pendente **Save as type** (Guardar como) (Excel, Acrobat, Word ou Rich Text Format).
3. Clique em **OK**. Por predefinição, o ficheiro é guardado em **`C:\OLI Fusion\data\report`**).

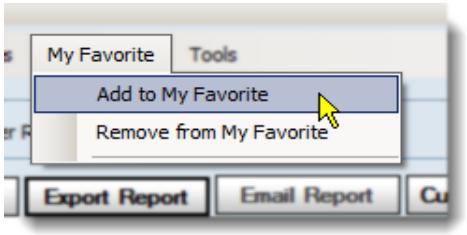
### Aceder a relatórios a partir do menu Os meus favoritos

O menu **My Favorite** (Os meus favoritos) é uma forma conveniente para aceder e gerar os relatórios que utiliza com mais frequência. Pode incluir, no máximo 18 tipos de relatórios no menu pendente **My Favorite** (Os meus favoritos), incluindo relatórios personalizados. É simples adicionar ou eliminar os relatórios da lista.

### Adicionar relatórios ao menu Os meus favoritos

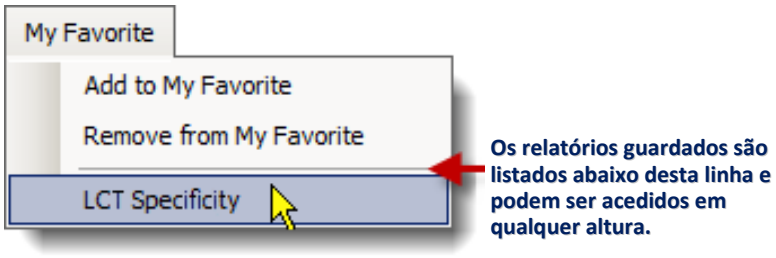
1. Certifique-se de que selecionou o relatório que pretende adicionar ao menu **My Favorite** (Os meus favoritos) (verifique se o nome é apresentado na secção **Report Options** [Opções do relatório] da janela Reports [Relatórios]).

Adicionar um novo relatório ao menu Os meus favoritos



2. Selecione **My Favorite > Add to My Favorite** (Os meus favoritos > Adicionar aos meus favoritos).

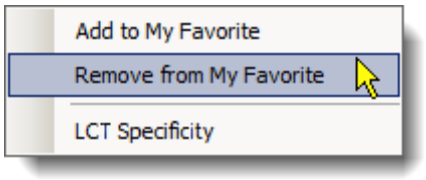
O nome do relatório atual é adicionado ao seu menu **My Favorite** (Os meus favoritos). Quando pretender gerar este relatório, basta clicar no seu nome na parte inferior do menu **My Favorite** (Os meus favoritos).


My Favorite
Add to My Favorite
Remove from My Favorite
LCT Specificity
Os relatórios guardados são listados abaixo desta linha e podem ser acedidos em qualquer altura.

### Remover relatórios do menu Os meus favoritos

1. Selecione **My Favorite** (Os meus favoritos) e selecione o relatório que pretende remover da lista de relatórios na parte inferior do menu. O menu **My Favorite** (Os meus favoritos) fecha.

2. Selecione **My Favorite > Remove from My Favorite** (Os meus favoritos > Remover dos meus favoritos).




O relatório que selecionou no passo 1 deixa de ser apresentado na parte inferior do menu **My Favorite** (Os meus favoritos).

# Ferramentas de relatórios

## Personalizar a aparência do relatório

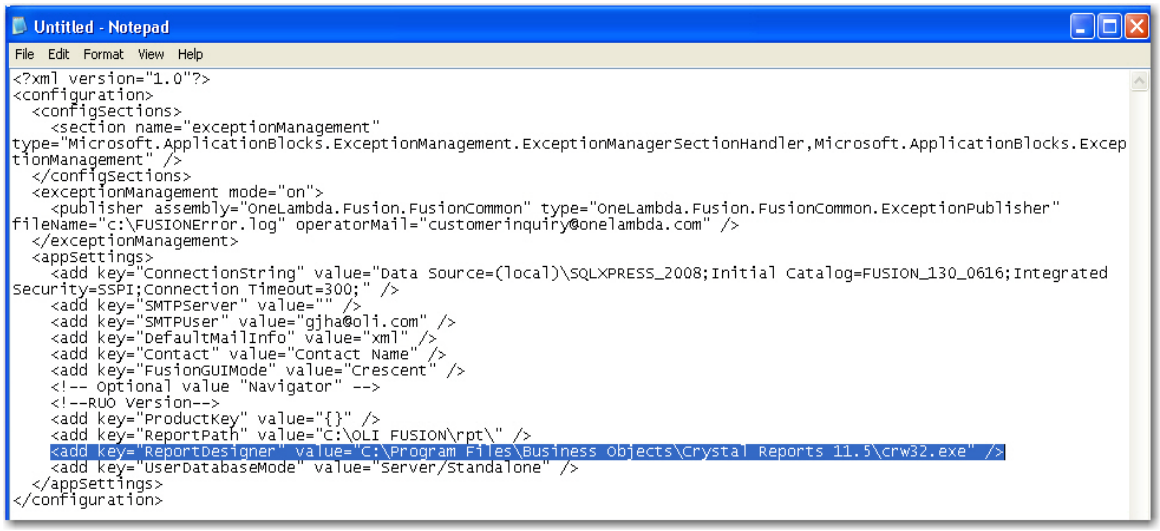
**Nota:** É necessário ser um utilizador com nível de supervisor no HLA Fusion e ter instalado o software Crystal Report Designer no seu computador para utilizar esta função.

Esta função permite-lhe formatar a aparência dos relatórios do HLA Fusion para cumprir as suas necessidades específicas. Por exemplo, pode alterar o estilo do tipo de letra, o tamanho e a cor, bem como a localização dos campos de texto e dados no relatório.

- O HLA Fusion lança automaticamente o Report Designer, se este estiver instalado no diretório predefinido **(C:\Program Files\Business Objects\Business Objects Enterprise 12.0\win32_x86\crw32.exe)**.

- Utilize o Bloco de notas para abrir o ficheiro *OneLambda.Fusion.Interface.exe*, localizado em `C:\Program Files\One Lambda\HLAFusion\IVD`. Certifique-se de que o nome do caminho do Crystal Report Designer é introduzido na linha seguinte deste ficheiro (consulte a figura abaixo): `<add key="ReportDesigner" value="C:\Program Files\Business Objects\BusinessObjects Enterprise 12.0\win32_x86\crw32.exe" />`

**Editar o OneLambda.Fusion.Interface.exe**




- Tenha em atenção que todos os ficheiros de relatórios utilizados no HLA Fusion estão instalados no diretório C:\OLI Fusion\rpt, e todos têm a extensão .rpt. Estes ficheiros podem ser movidos para qualquer parte para acesso central, mas para o fazer, tem de atualizar o

ficheiro *OneLambda.Fusion.Interface.exe* de forma a refletir a nova localização (consulte a figura acima).

- Quando abre um relatório para o personalizar, é criada automaticamente uma cópia de segurança com o carimbo de data/hora como o sufixo do nome do relatório. Isto permite-lhe recuperar o formato original do relatório, se necessário.

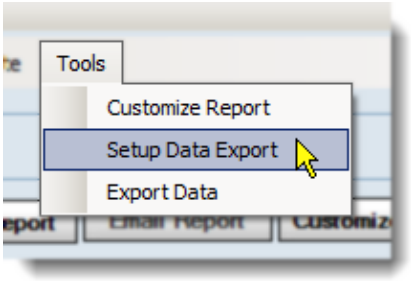
1. Selecione **Reports > Tools > Customize Report** (Relatórios > Ferramentas > Personalizar relatório).

Utilize as ferramentas do Crystal Report Designer para modificar a aparência do seu relatório.

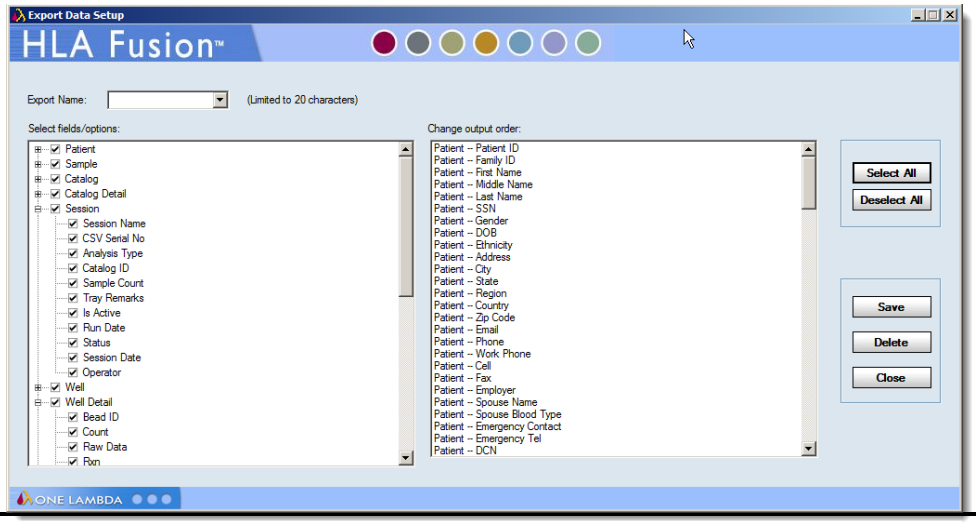
Depois de efetuar alterações no formato do relatório, guarde-o. Certifique-se de que não altera o nome do ficheiro do relatório. Da próxima vez que executar este relatório no HLA Fusion, o relatório terá a aparência mais recentemente guardada no Crystal Report Designer.

### Criar modelos de exportação de dados personalizados

1. Selecione **Tools > Setup Export** (Ferramentas > Configurar exportação) para personalizar a exportação de dados de relatórios ao configurar os modelos que determinam o tipo de dados de relatórios (sessão, amostra, paciente, resultados, etc.) que é exportado quando seleciona esse modelo.




É apresentada a caixa de diálogo **Export Data Setup** (Configuração de exportação de dados), permitindo-lhe selecionar o nome do modelo de exportação, os campos a incluir e a ordem dos campos que pretende para o modelo. Selecione as caixas de verificação do lado esquerdo para selecionar a categoria e os campos. No lado direito da caixa de diálogo, arraste e largue os campos ou mantenha premida a tecla CTRL e prima as tecas de setas para cima/para baixo para alterar a ordem.

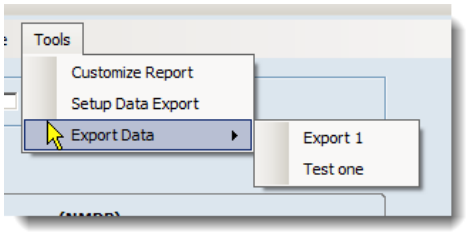



Ecrã de Configuração de exportação de dados

2. Quando terminar, clique no botão **Save** (Guardar).

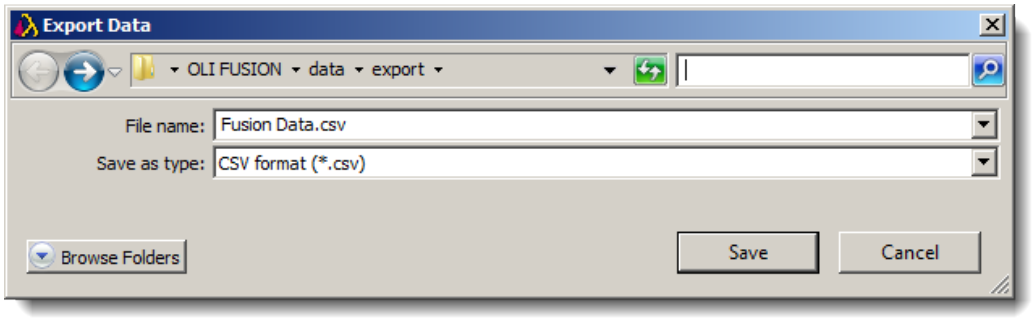
O novo modelo é adicionado aos modelos de exportação disponíveis no menu **Tools > Export Data** (Ferramentas > Exportação de dados).

**Exportar dados - selecionar modelo**




3. Quando estiver pronto para exportar dados, em primeiro lugar, selecione todas as sessões que pretende incluir na lista disponível. Em seguida, selecione **Tools > Export Data** (Ferramentas > Exportar dados e selecione um dos modelos. É apresentada a caixa de diálogo **Export Data** (Exportar dados).

**Exporta dados - localização para guardar o ficheiro**




4. Selecione o formato para os dados exportados —XML, CSV ou Texto. O ficheiro de dados exportado é guardado por predefinição em **`C:\OLI Fusion\data\export`**.

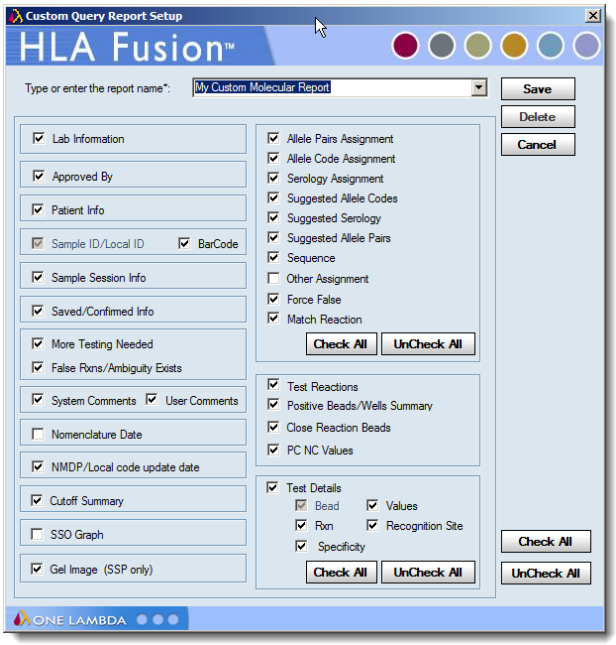
### Criar relatórios personalizados

Certos tipos de relatórios permitem-lhe personalizar os tipos de campos que pretende incluir.

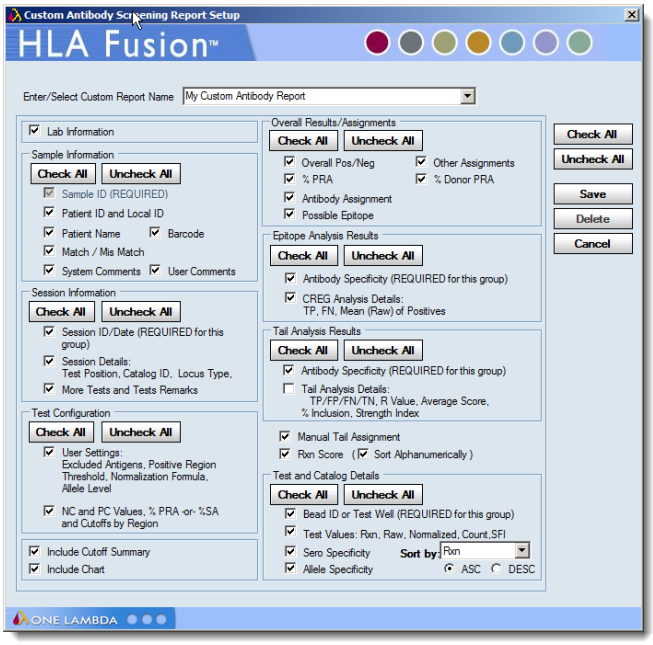
| | |
|---|---|
| **Nota:** | Para os relatórios Molecular Custom (Molecular personalizado) ou Custom Antibody (Anticorpo personalizado), tem de garantir que o tipo de letra *Free 3 of 9 Extended* está instalado no seu computador—caso contrário, o código de barras não é reconhecido. Se necessário, pode transferir este tipo de letra gratuitamente em http://www.free-barcode-font.com/. |

1. Para criar um relatório personalizado, selecione um tipo de relatório que contenha a palavra "Custom" (Personalizado) no seu nome (por ex., *Molecular Custom* [Molecular personalizado] no menu de tipo de relatório **Generic Typing** [Tipologia genérica]).

2. Clique no botão **Setup** (Configurar) na secção Report Options (Opções de relatórios) da janela.




Ecrã de configuração de relatório personalizado molecular




Ecrã de configuração de relatório personalizado de anticorpos

É apresentada a janela **Custom Report Setup** (Configuração de relatório personalizado), permitindo-lhe personalizar o conteúdo do relatório ao selecionar entre várias categorias e campos.

### Configuração de relatório personalizado molecular e de anticorpos

1. Introduza um nome ou selecione um na lista pendente.

2. Selecione a caixa de verificação junto a cada campo que pretende incluir neste relatório.

**Nota:** Para incluir todos os campos relacionados, pode clicar no botão **Check All** (Selecionar tudo) para selecionar todos os campos na categoria.

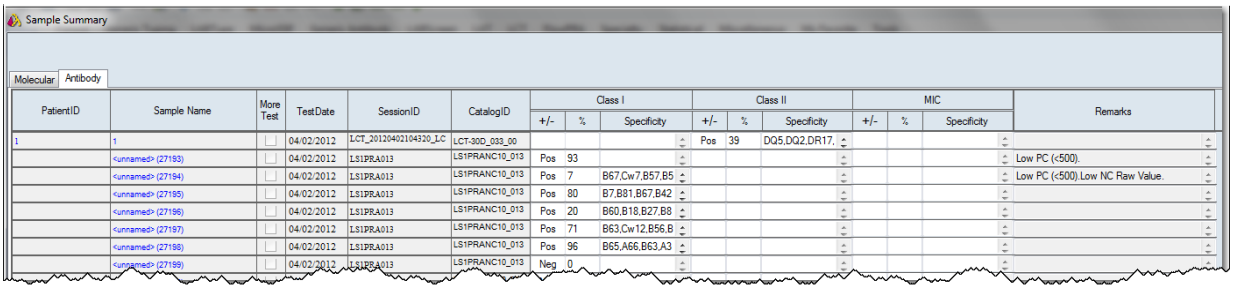
3. Clique no botão **Save** Save (Guardar) para guardar a configuração do relatório personalizado que acabou de selecionar.

## Resumo de amostras

A função Sample Summary (Resumo de amostras) lista várias amostras e os respetivos resultados de tipologia.

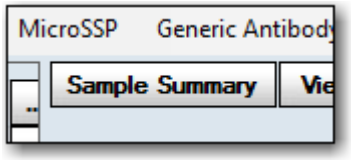
- Selecione as amostras utilizando a janela **Reports** (Relatórios).
- Clique no botão **Sample Summary** (Resumo de amostras). É apresentada a janela **Sample Summary** (Resumo de amostras); contém dois separadores — **Molecular** e **Antibody** (Anticorpo).

**Janela de resumo de amostras**



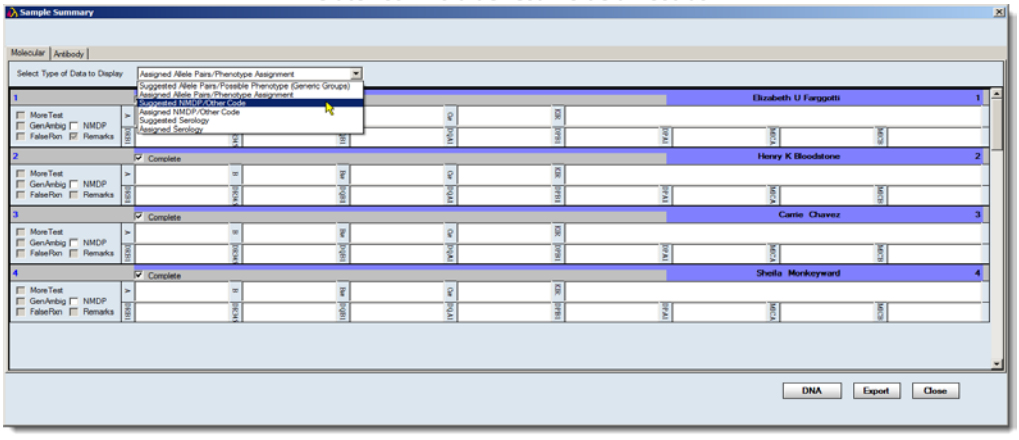

## Resumo de amostras de tipologia molecular

Os registos de tipologia de antigénios selecionados são apresentados no separador Molecular do ecrã Sample Summary (Resumos de amostras). Pode visualizar as informações de tipologia num formato condensado, bem como apresentar mais detalhes para qualquer amostra.




1. Selecione as amostras utilizando a janela **Reports** (Relatórios).
2. Clique no botão **Sample Summary** (Resumo de amostras). O separador predefinido é **Molecular**.
3. Selecione uma opção na lista pendente **Select Type of Data to Display** (Selecionar tipo de dados a apresentar).

**Relatórios – Ecrã de resumo de amostras**



A janela apresentada depende da opção selecionada.

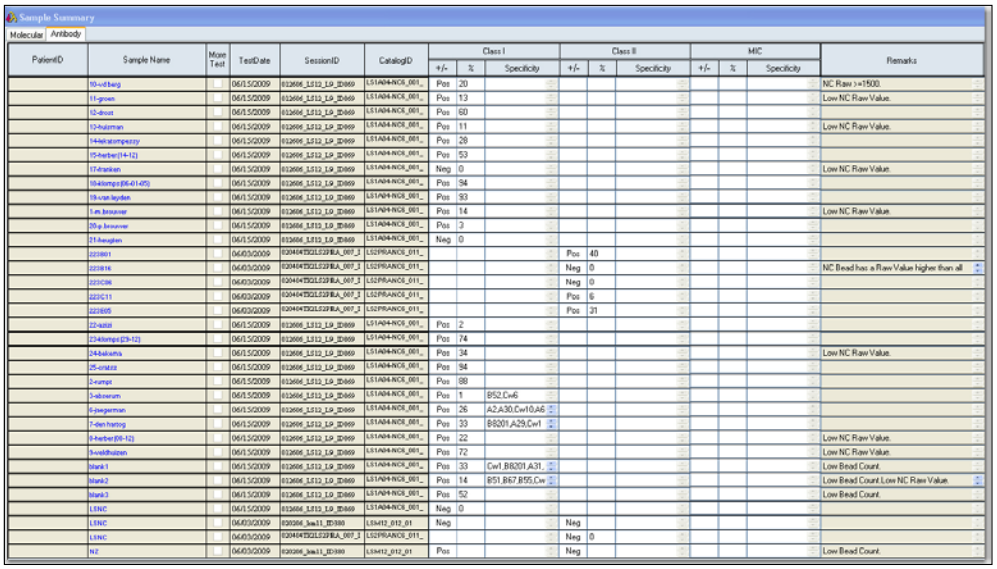
- Clique no botão **Export** Export (Exportar) para exportar os dados apresentados como um ficheiro Excel.
- Clique no botão **DNA** DNA para exportar as especificidades moleculares como um ficheiro Excel.

4. Clique no botão **Close** (Fechar) ☒ no canto superior direito da janela para fechar e regressar à janela **Reports** (Relatórios).

### Resumo de amostras de rastreio de anticorpos

Quaisquer registos de rastreio de anticorpos selecionados são apresentado no separador Antibody (anticorpo) do ecrã Sample Summary (Resumos de amostras). Pode visualizar as informações de rastreio num formato condensado, bem como apresentar mais detalhes para qualquer amostra.

1. Selecione as amostras utilizando a janela **Reports** (Relatórios).
2. Clique no botão **Sample Summary** Sample Summary (Resumo de amostras).
3. Clique no separador **Antibody** (Anticorpo).




**Relatórios – Ecrã de resumo de amostras**

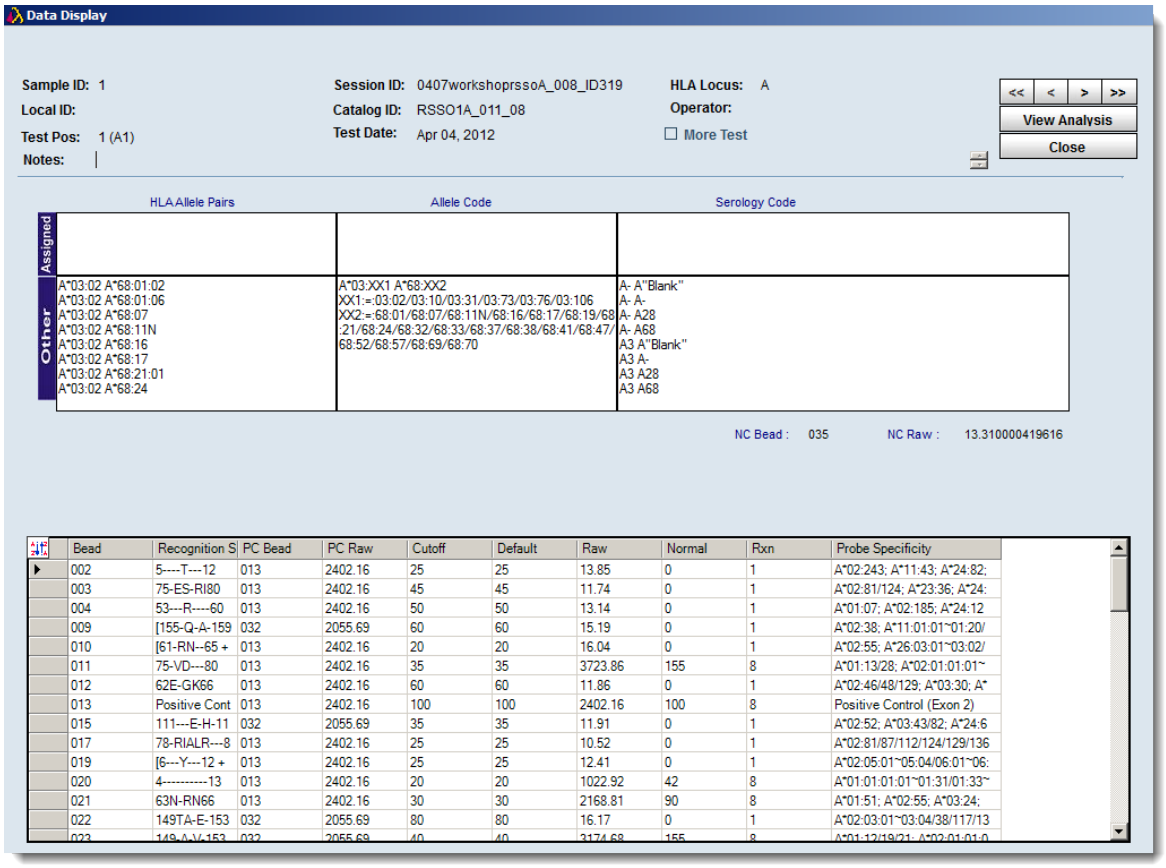
- Clique no botão **Export** Export (Exportar) para exportar os dados apresentados como um ficheiro Excel.
- Clique no botão **DNA** para exportar as especificidades moleculares como um ficheiro Excel.

4. Clique no botão **Close** (Fechar) ☒ no canto superior direito da janela para fechar e regressar à janela **Reports** (Relatórios).

# Ver registos

A função View Records (Ver registos) apresenta os resultados de tipologia e detalhes da análise para cada amostra selecionada. As informações da amostra são apresentadas para uma amostra de cada vez.
No menu View Records (Ver registos), pode ver os registos de rastreio e tipologia individualmente.

1. Selecione os registos de dados utilizando a janela **Reports** (Relatórios).




**Relatórios – ecrã Ver registos**

2. Clique no botão **View Records** (Ver registos).

3. Utilize os botões de setas para navegar pelas amostras.

4. Clique no botão **View Analysis** (Ver análise) para abrir a janela de análise para a amostra atual.

   É possível redimensionar a janela de análise.

**Relatórios – ecrã Ver registos**

5. Clique no botão **Close** Close (Fechar) para fechar a janela e regressar à janela **Reports** (Relatórios).

## Informações do paciente

Pode visualizar os registos de pacientes associados a amostras selecionadas ao clicar no separador Patient Info (Informações do paciente). Também é possível visualizar as informações do paciente por ID de paciente utilizando a função de procura de pacientes do menu Patient Management (Gestão de pacientes). No menu **Patient Info** (Informações do paciente), pode visualizar os registos do paciente/dador.

Para visualizar as informações do paciente, tem de selecionar uma ou mais amostras. É possível visualizar, mas não pode editar as informações apresentadas.

1. Selecione sessões ou amostras na janela **Reports** (Relatórios) que tenham uma ID de paciente/dados associada.

2. Clique no botão **Patient Info** (Informações do paciente) Patient Info.

É apresentado o ecrã Patient/Donor Information (Informações de paciente/dador).

Ecrã de informações do paciente

3. Clique no separador **Test Info** (Informações do teste) para ver essas informações para o paciente/dador atual. Se for apresentado mais de um cartão de informações, utilize os botões de setas para navegar pelos registos do paciente.

4. Clique no botão **Close** (Fechar) no canto superior direito da janela para fechar e regressar à janela **Reports** (Relatórios).

## Relatório de registo de auditoria

É possível visualizar e imprimir um relatório da atividade do utilizador para a base de dados atual. Estes dados estão disponíveis apenas se tiver efetuado o seguinte:

- Configurou e ligou-se a uma base de dados de registo de auditoria (consulte o *Manual do Utilizador do HLA Fusion Database Utility*).
- Ativou o Audit Logging (Registo de auditoria) na página inicial predefinida do HLA Fusion.

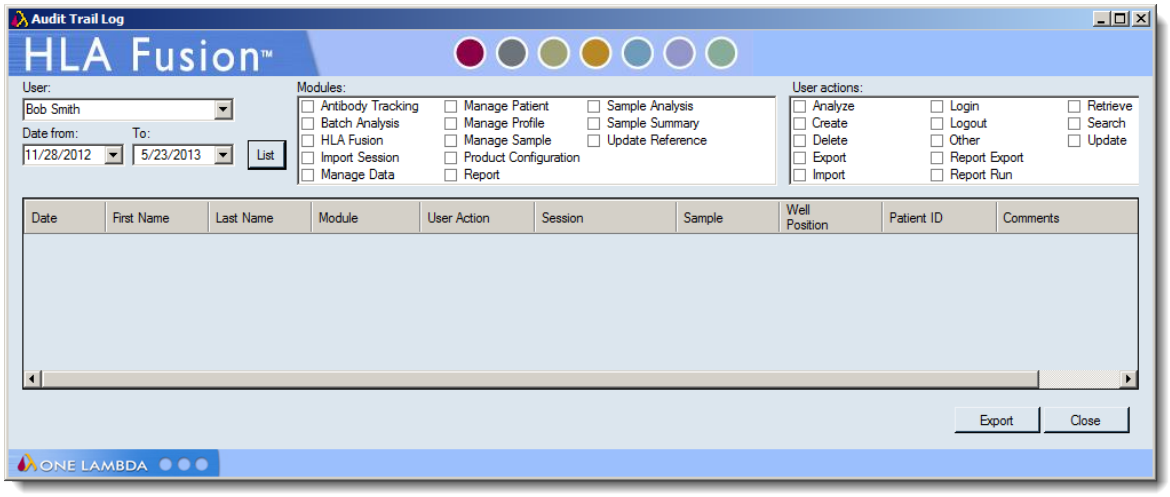
Depois de concluídos os passos acima e se pretender visualizar os dados do registo de auditoria, proceda da seguinte forma:

É possível aceder à janela Reports (Relatórios) através de uma de duas formas:

- Na página inicial, clique em **Create Reports** (Criar relatórios).
- Nas opções do menu principal do Fusion, selecione **Reports** (Relatórios).

Selecione **Miscellaneous > Audit Trail Log** (Diversos > Registo de auditoria). É apresentada a caixa de diálogo Audit Trail Log (Registo de auditoria).

**Ecrã de registo de auditoria**




- Utilize a seta pendente para selecionar o Utilizador para o qual pretende ver as ações da base de dados.
- Selecione o intervalo de datas e as opções que pretende incluir no relatório.

Clique em **List** (Listar) para ver o relatório. Se pretender exportar o relatório de registo de auditoria para Excel, clique em **Export** (Exportar).

# Tipos de relatório

Estão disponíveis vários tipos de relatório. Embora a maioria dos tipos de relatório esteja listada nesta secção, tenha em atenção que uma vez que por vezes são adicionados novos relatórios entre atualizações deste manual do utilizador, poderá ver mais relatórios listados no software.

**Patient** (Paciente) - (todos os pacientes na base de dados do Fusion)

- *Patient Summary* (Resumo de pacientes) - (resumo dos resultados dos testes de tipologia e de anticorpos associados a uma ID de paciente)
- *Patient Typing for Batch* (Tipologia de paciente por lote) - (relatório de resumo de tipologia em diferentes loci para um conjunto de amostras, com base numa sessão selecionada)
- *Patient Custom* (Personalizado de paciente) - (seleciona o tipo de dados do paciente a incluir para as amostras selecionadas)

**Generic Typing** (Tipologia genérica) - (dados de tipologia das amostras LABType e MicroSSP analisadas)

- *Molecular Custom* (Molecular personalizado) - (seleciona o tipo de dados moleculares a incluir para um conjunto de amostras)
- *Custom Typing Results by Sample* (Resultados de tipologia personalizados por amostra) - (seleciona o tipo de dados moleculares a incluir para as amostras selecionadas)
- *Allele Summary* (Resumo de alelos)- (relatório de tipologia dos pares de alelos possíveis e resultados de códigos de alelos atribuídos a um conjunto de amostras)
- *Allele Code* (Código de alelo) - (relatório de tipologia dos códigos de alelos possíveis e resultados de códigos de alelos atribuídos a um conjunto de amostras)
- *Molecular Typing Summary* (Resumo de tipologia molecular) - (relatório de tipologia do possível código de alelo, código de alelo atribuído, pares de alelos atribuídos, serologia atribuída e outras atribuições a um conjunto de amostras)

**LABType** - (dados de amostras LABType analisadas)

- *Panel Summary* (Resumo do painel) - (relatório da atribuição final codificada com NMDP e sondas para um conjunto de amostras numa sessão)
- *QC Overview* (Visão geral de CQ) - (resumo das amostras com uma contagem baixa de esferas, controlo baixo positivo, alterações no valor de interrupção global antes da análise, bem como alterações específicas nas amostras para uma sessão de amostras)
- *Combined Panel Summary (NMDP)* (Resumo do painel combinado) - (folha de cálculo das atribuições com o código NMDP para sessões individuais ou várias sessões)

**MicroSSP** - (dados de amostras Micro SSP analisadas)

- *SSP Report* (Relatório SSP) - (relatório de tipologia detalhado para testes Micro SSP™ que podem ser personalizados)

**Generic Antibody** (Anticorpo genérico) - (dados de anticorpos de amostras LABScreen, FlowPRA, LAT ou LCT analisadas)

- *Antibody Custom* (Anticorpo personalizado) - (o utilizador pode personalizar um relatório para dados de anticorpos para um conjunto de amostras)
- *Antibody Screening/ID* (Rastreio/ID de anticorpos) - (relatório de dados de anticorpos fixo em termos de formato)
- *Antibody Screening Results* (Resultados do rastreio de anticorpos) - (tabela de resumo para um conjunto selecionado de amostras, que inclui os resultados finais globais, % de PRA, outras atribuições e comentários)

**LABScreen** - (dados de amostras LABScreen analisadas)

- *LSM Detail* (Detalhes LSM) - (informações detalhadas do teste para registos de análise mistos de anticorpos)
- *LSM Summary* (Resumo de LSM) - (resultados globais de testes para registos de análise mistos de anticorpos)
- *LSM Overview* (Visão geral de LSM) - (resultados globais de testes para registos de análise mistos de anticorpos, incluindo o número total de resultados positivos, negativos e indeterminados. O utilizador pode determinar o rácio de esfera mais elevado e mais reduzido encontrado para cada amostra )

**LAT** - (dados de amostras LAT analisadas)

- *LAT-Mixed Raw Data* (Dados em bruto combinados do LAT) - (resultados de várias amostras num tabuleiro de análise combinada do LAT, incluindo um esquema de tabuleiro de introdução de dados em bruto originais e resultados de testes)
- *LAT-Mixed* (Combinada do LAT) (resultados de uma única amostra num tabuleiro de análise combinada do LAT, incluindo um esquema de tabuleiro de introdução de dados em bruto originais e resultados de testes)
- *LAT-Specificity Raw Data* (Dados em bruto de especificidade LAT) - (resultados de dados em bruto para tabuleiros HD ou especificidade LAT, incluindo um esquema de tabuleiro de introdução de dados em bruto originais e resultados de testes)
- *LAT Specificity* (Especificidade LAT) - (relatório de especificidade completo para tabuleiros HD e de especificidade LAT, incluindo atribuições globais, caudais, de epítopos, atribuições caudais manuais e detalhes de testes)

**LCT** - (dados de amostras LCT analisadas)

- *LCT Specificity* (Especificidade LCT) - (detalhes de testes de uma única amostra num tabuleiro de análise LCT)

**FlowPRA** - (dados de amostras FlowPRA analisadas)

- *Flow PRA Specificity* (Especificidade FlowPRA) - (detalhes de testes de uma única amostra num tabuleiro de análise FlowPRA®)

**Specialty** (Especialidade) - (relatórios criados para finalidade especializada)

- *Antibody Reaction* (Reação de anticorpos) - (tabela de resumo de atribuições de especificidade informáticas com base nas pontuações de reação)
- *SCORE* - (relatório de exportação utilizado pelo software SCORE)
- *LABType* - (relatório de exportação abrangendo resultados LABType)
- *LABScreen* - (relatório de exportação abrangendo resultados LABScreen)
    - *Reaction Assignment Report* (Relatório de atribuição de reação) - (relatório de exportação incluindo a ID de amostra e cadeia de reação)
    - *NMDP Code Report (Relatório de código NMDP)*

Os relatórios de especialidade seguintes são personalizados para utilizadores específicos:

- *LBSW*
- *HML V0.2*
- *HML V0.3*
- *CL*
- *NBS*
- *Thai Export*
- *UMC-Utrecht Report*
- *BML*
- *ABMDR*
- *CMDP*

**Statistical** (Estatística) - (dados estatísticos ou agregados para criação de tendências, medição, monitorização, etc.)

- *Allele Group Frequency* (Frequência do grupo de alelos) - (apesenta a frequência dos grupos de alelos com base nos primeiros dois dígitos de uma atribuição de alelos para sessões selecionadas ou a base de dados)
- *Allele Group Frequency Extended* (Frequência do grupo de alelos alargada) - (apresenta a frequência de grupos de alelos com base em resultados de código NMDP ou atribuição ao nível de alelos para sessões selecionadas ou base de dados)
- *Cutoff Adjustment Summary* (Resumo de ajuste do valor de interrupção) - (resumo de todas as alterações dos valores de interrupção efetuadas para sessões selecionadas ou com base num ficheiro de catálogo específico)

**Miscellaneous** (Diversos) - (relatórios que não se incluem em nenhuma das categorias acima)

- *Database Information* (Informações da base de dados) - (descreve a utilização da base de dados atual)
- *Batch Data File Summary* (Resumo do ficheiro de dados do lote) - (um registo do estado de todas as sessões executadas no sistema)
- *Serological Equivalent* (Equivalente serológico) - (lista de alelos e respetivas definições equivalentes serológicas)
- *NMDP Code* (Código NMDP) - (lista de códigos NMDP e respetivas definições de alelos)
- *Typing Query* (Consulta de tipologia) - (relatório de pesquisa da base de dados que lista as amostras encontradas para um alelo selecionado)
- *Audit Trail Log* (Registo de auditoria) - (um registo com toda a atividade especificada para um utilizador selecionado na base de dados atual do Fusion)

**My Favorite** (Os meus favoritos) - (qualquer um dos relatórios acima guardados numa lista de favoritos)

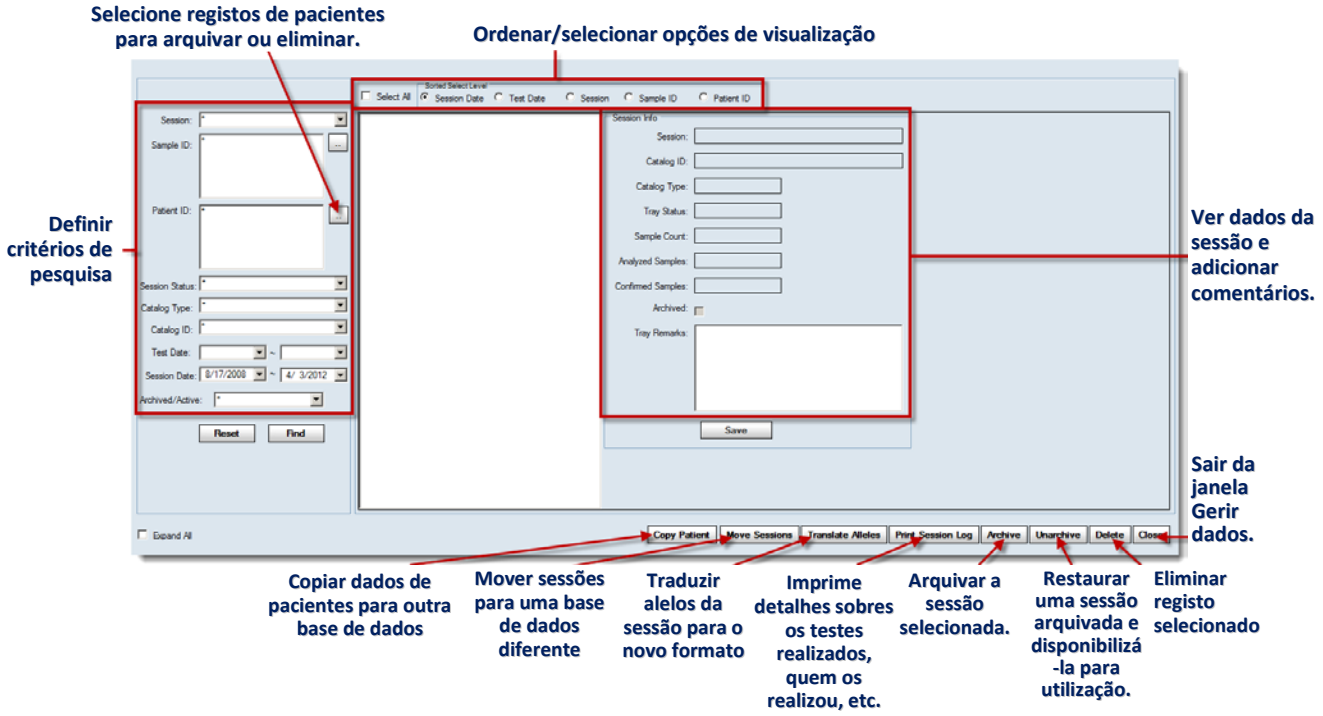
- Os relatórios listados dependem do que guardou neste menu,

# Gestão de dados

Quando seleciona o item de menu Data (Dados), é apresentada uma janela que lhe permite gerir os ficheiros da sessão, bem como criar ficheiros de registo dos dados da sessão. Neste menu, pode eliminar, arquivar, ativar e mover sessões para uma base de dados diferente. Pode igualmente mapear os alelos numa sessão par ao novo formato de nomenclatura.

# Gestão da sessão

Para gerir os seus dados ao nível da sessão, utilize a opção **Data** (Dados) no menu principal do HLA Fusion. Quando seleciona o menu principal **Data** (Dados), é apresentada a janela Manage Data (Gerir dados).

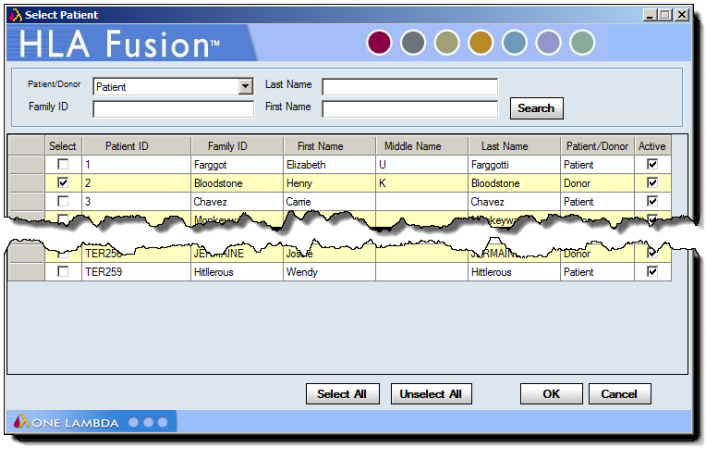

Selecione registos de pacientes para arquivar ou eliminar.
Ordenar/selecionar opções de visualização
Definir critérios de pesquisa
Ver dados da sessão e adicionar comentários.
Sair da janela Gerir dados.
Copiar dados de pacientes para outra base de dados
Mover sessões para uma base de dados diferente
Traduzir alelos da sessão para o novo formato
Imprime detalhes sobres os testes realizados, quem os realizou, etc.
Arquivar a sessão selecionada.
Restaurar uma sessão arquivada e disponibilizá-la para utilização.
Eliminar registo selecionado

## Janela Manage session data (Gerir dados da sessão)

- Quando clica em **Translate Alleles** Translate Alleles (Traduzir alelos), todos os pares de alelos finais e código para as sessões selecionadas são convertidos para o novo formato de nomenclatura e armazenados na base de dados.
- Quando clica em **Move Sessions** Move Sessions (Mover sessões), pode selecionar outra base de dados do Fusion para a qual as sessões selecionadas são movidas.

O HLA Fusion permite-lhe criar ficheiros de registo das suas sessões de análise selecionadas, que pode depois imprimir ou arquivar.

1. Forneça todas as informações necessárias sobre a sessão ao utilizar os menus pendentes e botões de pesquisa no lado esquerdo da janela Data (Dados).




Depois de selecionar uma sessão, as suas informações são apresentadas no lado direito da janela, o painel **Session Info** (Informações da

sessão), onde pode adicionar informações.

2. Depois de possuir todas as informações que pretende incluir no registo, clique em **Save** (Guardar).

Depois de apresentar o registo da sessão que pretende, utilize os botões **Print Session Log, Archive**, **Active** e **Delete** (Imprimir registo da sessão, Arquivar, Ativar e Eliminar) na parte inferior da janela para gerir o registo.

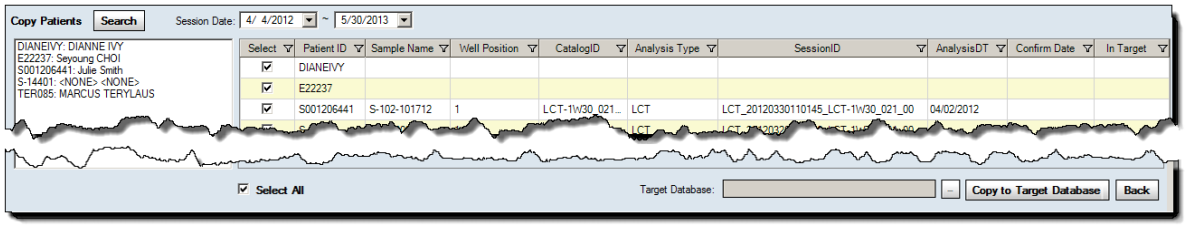
**Nota:** Também é possível eliminar as amostras individualmente, sem ter de eliminar uma sessão inteira. A única exceção são as amostras LABType ou Micro SSP que foram combinadas.

O HLA Fusion permite-lhe mover registos de pacientes.

1. Selecione **Patient ID** (ID de paciente) como o Sorted Select Level (Nível de seleção ordenado). É apresentada a janela Select Patient (Selecionar paciente).

2. Selecione um ou mais pacientes.

   É apresentada a seguinte janela:




3. Selecione procurar (**...**) no campo **Target Database** (Base de dados de destino) para selecionar a base de dados para a qual pretende mover os registos de pacientes selecionados.

4. Depois de selecionar a base de dados de destino, clique em **Send to Target Database** (Enviar para base de dados de destino).

# Gestão de amostras

No HLA Fusion, as listas de amostras são uma forma simples de introduzir uma grande lista de IDs de amostras e outras informações das amostras na base de dados para utilizar em sessões de análise. As listas de amostras podem encontrar-se no formato .xls, CSV ou .txt. No menu Sample List Import (Importar lista de amostras), pode importar listas de amostras ou editar listas de amostras antes da importação.

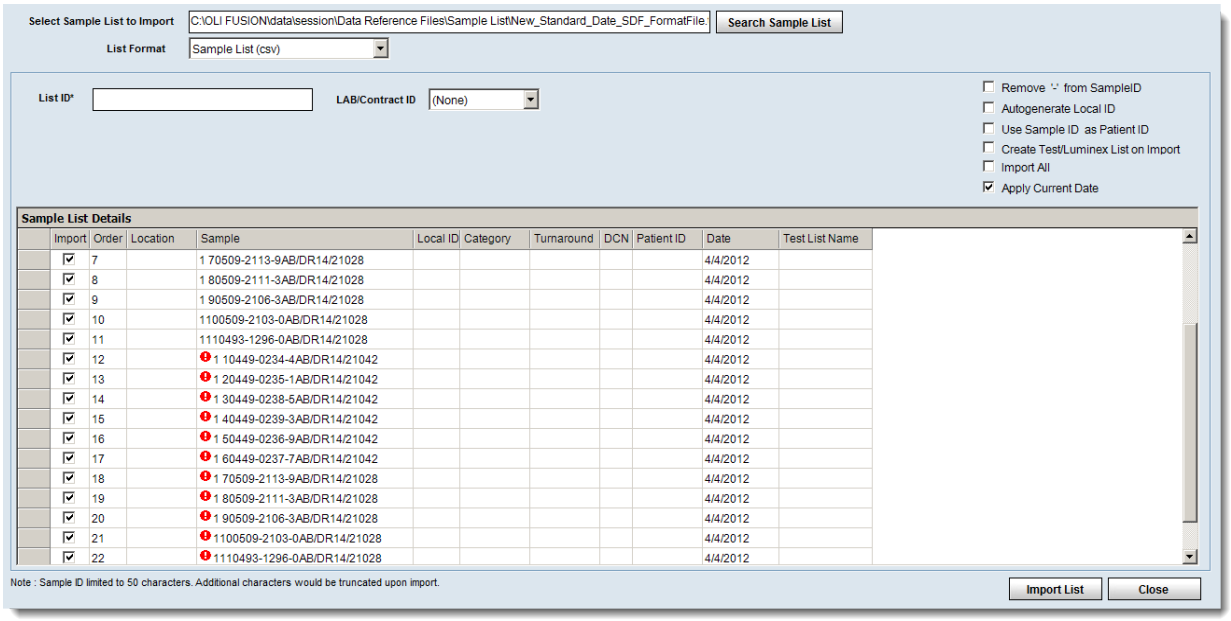
**Nota:** Verifique todos os dados que importar à medida que o HLA Fusion efetua a validação de dados mínima aquando da importação.

# Importar listas de amostras

As listas de amostras são uma forma simples de introduzir uma extensa lista de IDs de amostras e outras informações das amostras na base de dados para utilizar em sessões de análise.

1. No menu principal, selecione **Sample > Import Sample List** (Amostra > Importar lista de amostras).

Ecrã Importar lista de amostras


Select Sample List to Import
C:\OLI FUSION\data\session\Data Reference Files\Sample List\New_Standard_Date_SDF_FormatFile.
Search Sample List
List Format
Sample List (csv)
List ID*
LAB/Contract ID
(None)
Remove '-' from SampleID
Autogenerate Local ID
Use Sample ID as Patient ID
Create Test/Luminex List on Import
Import All
Apply Current Date
Sample List Details
Import Order Location Sample Local ID Category Turnaround DCN Patient ID Date Test List Name
7 1 70509-2113-9AB/DR14/21028 4/4/2012
8 1 80509-2111-3AB/DR14/21028 4/4/2012
9 1 90509-2106-3AB/DR14/21028 4/4/2012
10 1100509-2103-0AB/DR14/21028 4/4/2012
11 1110493-1296-0AB/DR14/21028 4/4/2012
12 1 10449-0234-4AB/DR14/21042 4/4/2012
13 1 20449-0235-1AB/DR14/21042 4/4/2012
14 1 30449-0238-5AB/DR14/21042 4/4/2012
15 1 40449-0239-3AB/DR14/21042 4/4/2012
16 1 50449-0236-9AB/DR14/21042 4/4/2012
17 1 60449-0237-7AB/DR14/21042 4/4/2012
18 1 70509-2113-9AB/DR14/21028 4/4/2012
19 1 80509-2111-3AB/DR14/21028 4/4/2012
20 1 90509-2106-3AB/DR14/21028 4/4/2012
21 1100509-2103-0AB/DR14/21028 4/4/2012
22 1110493-1296-0AB/DR14/21028 4/4/2012
Note : Sample ID limited to 50 characters. Additional characters would be truncated upon import.
Import List
Close

É apresentada a janela Import Sample List (Importar lista de amostras).

2. Clique no botão **Search Sample List** (Pesquisar lista de amostras); procure a lista de amostras a ser importada; e clique em **Open** (Abrir).

3. Introduza um nome no campo **List ID** (ID da lista), e, se necessário selecione um código do laboratório ou **Contact ID** (ID de contacto) na lista pendente.

4. Confirme as informações da amostra e edite, se necessário.

5. Clique para anular a seleção das caixas de verificação de quaisquer amostras que não pretende importar.

6. Clique em **Import List** (Importar lista) para importar as listas de amostras selecionadas.

7. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

# Formatos de informações para listas de amostras

As informações incluídas numa lista de amostras que importar para o HLA Fusion devem encontrar-se num dos seguintes formatos.

### Novo formato de lista de volumes

Este ficheiro indica os campos (por esta ordem):

`ShipmentLoc(1 – 13),SampleIDName(0198-0398-0),SampleType(AB, DR or AB/DR), TurnaroundTime(14, 21 ou 14AB/21DR),DCN (3 dígitos).`

Exemplo:

```
1 - 13,0198-0398-0,AB/DR,14AB/21DR,074
```

### Lista de volumes: Amostras ‘X’ no formato antigo

Este ficheiro indica os campos (por esta ordem):

`ShipmentLoc,SampleIDName,SampleType (1, 2, 3..., e um 'X' para amostras AB/DR),DCN`

Exemplo:

```
1 - 12,0287-7867-8,X,074
```

### Antigo formato de lista de volumes, '11' para amostras AB/DR

Este ficheiro apresenta a lista (por esta ordem):

`ShipmentLoc, SampleIDName, SampleType (1, 2, 3..., e um '11' para amostras AB/DR), DCN`

Exemplo:

```
1 - 15,0287-0779-2,11,074
```

### Formato delimitado por vírgula

Cada campo é separado por vírgulas. A utilização de aspas em redor de um campo é opcional e é necessário apenas se os conteúdos do campo utilizarem uma vírgula, o que poderia confundir a separação de campos. Este ficheiro apresenta a lista (por esta ordem):

`ShipmentLoc, SampleIDName, SampleType (AB, DR ou AB/DR), TurnaroundTime (14, 21 ou 14AB/21DR), DCN`

Exemplo:

`"1","12","0287-7867-8","AB/DR","14AB/21DR","074"`

### Formato delimitado por hífen

Cada campo é separado por um hífen. Este ficheiro apresenta a lista (por esta ordem):

`ShipmentLoc, SampleIDName, SampleType (AB, DR ou AB/DR), TurnaroundTime (14, 21 ou 14AB/21DR), DCN`

Exemplo:

```
1     12    0287-7867-8   AB/DR  14AB/21DR    074
```

### Formato SDF

Cada campo é separado por vírgulas. Este ficheiro apresenta a lista (por esta ordem):

BoxSlot, DonarID, SampleType (AB, DR or AB/DR), TurnaroundTime (14, 21 ou 14AB/21DR), DonarCenter

Exemplo:

```
1120287-7867-8AB,DR14,21074
```

### ID de local/amostra/paciente apenas

Este é um ficheiro Microsoft Excel. Este ficheiro apresenta a lista (por esta ordem):

`Fila 1: Título de coluna “Local” e “Sample” (Amostra) e “Patient” (Paciente)`
`Coluna A: LocalID (ID de local)`
`Coluna B: SampleIDName (Nome ID de amostra)(obrigatório)`
`Coluna C: PatientIDName (Nome ID de paciente)`
`Coluna D: Data`

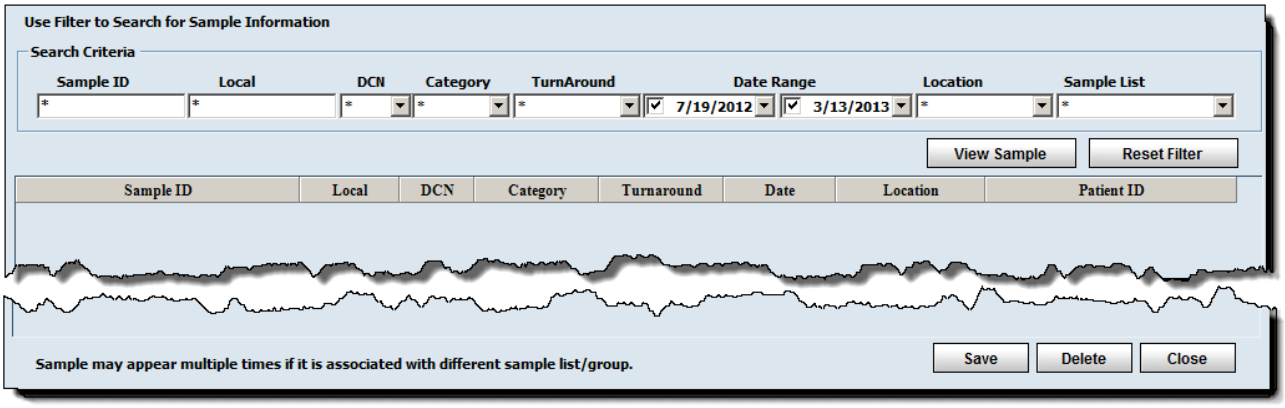
Exemplo:

| | A | B | C | D |
|---|---|---|---|---|
| 1 | LocalID | Sample | PatientID | Date |
| 2 | 1 | 20449-0235-1AB | DR14 | 8/10/1957 |
| 3 | 1 | 30449-0238-5AB | DR14 | 2/10/1942 |
| 4 | 1 | 40449-0239-3AB | DR14 | 5/12/1958 |
| 5 | 1 | 50449-0236-9AB | DR14 | 12/1/1960 |

## Ver e editar informações das amostras

É possível editar as informações das amostras, mas não é possível editar as IDs de pacientes associados - é possível adicionar apenas novas IDs de pacientes.

1. No menu principal, selecione **Sample > Manage Sample Info** (Amostra > Gerir informações de amostra).




Ecrã Gerir amostra

2. Utilize os filtros para localizar amostras e clique em **View Sample** (Ver amostra).

**Nota:** É possível utilizar carateres universais no campo Sample ID (ID de amostra) para aumentar os resultados.

3. Efetue a edição das informações da amostra.

**Nota:** Pode alterar o nome de uma amostra ao modificar o nome no campo Sample ID (ID de amostra). As IDs de amostras são listadas por ordem alfanumérica, com todas as IDs que iniciem com números listadas em primeiro lugar.

4. Clique em **Save** (Guardar) para guardar. Ou clique em **Delete** (Eliminar) para eliminar a amostra.

5. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

**Nota:** Não lhe é permitido eliminar uma amostra que faça parte de uma sessão já analisada.

# Listas de testes

Uma lista de testes é uma lista de IDs de amostras que podem ser utilizadas repetidamente para inserir automaticamente as IDs de amostras numa sessão de análise que possa ser lida pelo Luminex®. É uma ferramenta útil quando tem um grupo de amostras que serão executadas em vários testes.

No menu Test List (Lista de testes) pode:

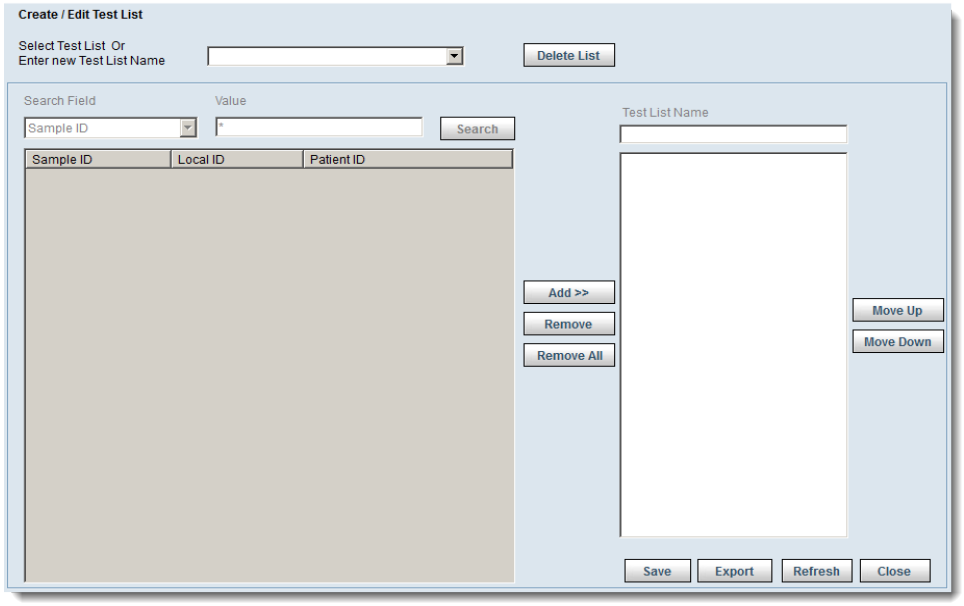
- Criar novas listas de testes
- Ver e editar listas de testes existentes
- Eliminar listas de testes
- Exportar listas de testes para um ficheiro .txt

### Criar novas listas de testes

É possível criar listas de testes na ordem na qual se pretende analisar as amostras.

1. No menu principal, selecione **Samples > Manage Test List** (Amostras > Gerir lista de testes).

Ecrã Gerir lista de testes




2. Introduza um nome para a nova lista de testes e clique em **Continue>>** (Continuar).

3. Pesquise as amostras que pretende adicionar à lista de testes utilizando os campos de pesquisa e clique em **Apply** (Aplicar) para ver os resultados da pesquisa.
4. Realce as amostras e clique em **Add>>** (Adicionar) para as adicionar à lista de testes.
5. Clique em **Save** (Guardar) para guardar a nova lista de testes.
6. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Ver e editar listas de testes existentes

É possível ver ou editar listas de testes em qualquer altura.

1. No menu principal, selecione **Manage Samples > Manage Test List** (Gerir amostras > Gerir lista de testes).
2. Utilize a lista pendente para selecionar uma lista de testes e clique em **Continue>>** (Continuar).
3. Clique em **Delete List** (Eliminar lista) para eliminar permanentemente a lista de testes selecionada.
4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Eliminar listas de testes existentes

Eliminar uma lista de testes remove a lista da base de dados, mas as IDs de amostras não são removidas ou alteradas na base de dados.

1. No menu principal, selecione **Manage Samples > Manage Test List** (Gerir amostras > Gerir lista de testes).
2. Utilize o menu pendente para selecionar uma lista de testes e clique em **Continue**>> (Continuar).
3. Adicione, remova ou mova as amostras, conforme desejar.
4. Clique em **Save** (Guardar) para guardar a nova lista de testes.
5. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Exportar listas de testes

É possível exportar listas de testes apenas para utilizar fora do HLA Fusion como um ficheiro .txt.

1. No menu principal, selecione **Manage Samples > Manage Test List** (Gerir amostras > Gerir lista de testes).
2. Utilize o menu pendente para selecionar uma lista de testes e clique em **Continue**>> (Continuar).
3. Clique em **Export** (Exportar) para exportar os detalhes da lista de testes como um ficheiro .txt.
4. Se lhe for pedido para guardar a lista de testes antes da exportação, clique em Yes (Sim) para guardar e continuar.
5. Selecione uma localização para guardar a lista de testes e introduza um nome do ficheiro para a mesma.
6. Clique em **Save** (Guardar).
7. Quando lhe for pedido para criar uma entrada na Lista de pacientes Luminex, clique em **No** (Não).
8. Clique em **Close** (Fechar) para fechar e regressar ao menu principal.

# Listas Luminex

O HLA Fusion pode criar uma lista Luminex para uma lista de testes nova ou existente. Pode utilizar esta lista para adicionar rapidamente informações, como ID de amostra, antes de criar um ficheiro de saída CSV Luminex. Na janela **Create/Edit Test List** (Criar/editar lista de testes) pode criar uma lista Luminex

## Criar listas Luminex

Os ficheiros de listas Luminex podem ser editados depois de serem exportados, mas as alterações não são refletidas na lista de testes a partir da qual foram criadas.

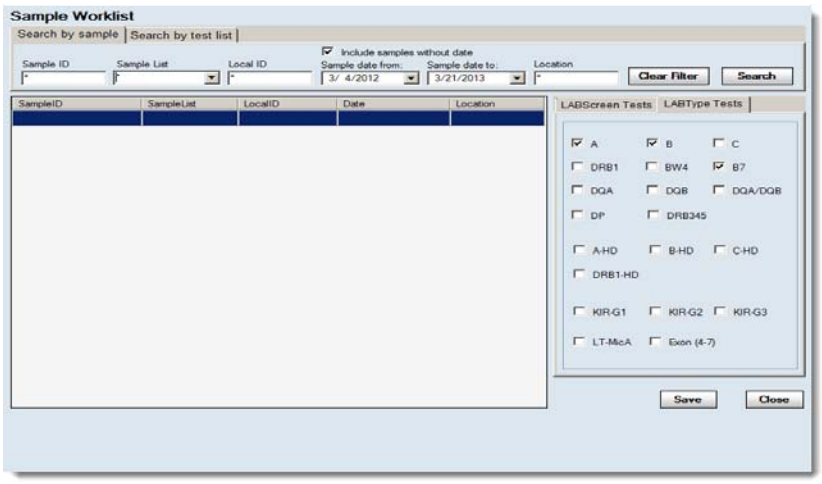
1. No menu principal, selecione **Samples > Manage Test List** (Amostras > Gerir lista de testes).
2. Utilize o menu pendente para selecionar uma lista de testes e clique em **Continue>>** (Continuar).
3. Clique em **Export** (Exportar) para exportar.
4. Selecione uma localização para guardar a lista de testes e introduza um nome do ficheiro.
5. Clique em **Save** (Guardar).
6. Quando lhe for pedido para criar uma entrada na Lista Luminex, clique em **Yes** (Sim).
7. Clique em **OK** na mensagem de confirmação para regressar à janela **Test List** (Lista de testes).
8. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Criar listas de trabalho de amostras

**Nota:** A função Sample Work list (Lista de trabalho de amostras) está disponível *apenas* se tiver instalado o SQL 2005 ou versão superior.

A funcionalidade da lista de trabalho de amostras no software HLA Fusion dá-lhe a flexibilidade de atribuir vários testes a amostras selecionadas. Estas informações são utilizadas na conceção de placas para o processamento Luminex.

**Criar uma lista de trabalho de amostras**



1. Selecione **Sample > Create Sample Work list** (Amostra > Criar lista de trabalho de amostras) no menu principal do HLA Fusion.

Proceda de uma das seguintes formas para pesquisar amostras:

   a. Clique no separador Search by sample (Pesquisar por amostra), utilize os critérios de pesquisa para especificar as amostras às quais gostaria de atribuir testes e clique em Search (Pesquisar).

   b. Clique na lista Search by test (Pesquisar por teste), utilize os critérios de pesquisa para especificar as listas de testes às quais gostaria de atribuir testes e clique em Search (Pesquisar).

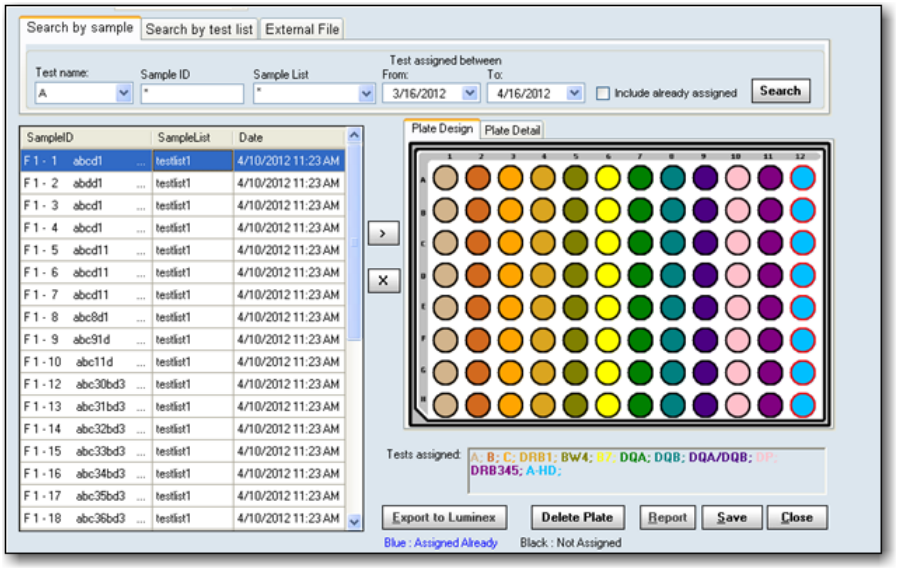
2. Selecione uma amostra ou várias amostras (ao manter o botão do rato premido e arrastar).
3. As amostras selecionadas são realçadas.
4. Agora, atribua um ou mais testes ao selecionar as caixas de verificação para os testes que pretende executar nas amostras (listados em LABScreen Tests [Testes LABScreen] e/ou LABType Tests [Testes LABType]).
5. Depois de terminar de atribuir testes a todas as amostras selecionadas, clique em Save (Guardar) para guardar a lista de trabalho.

### Criar desenho de placas

**Nota:** A função Plate Designer (Desenhador de placas) está disponível *apenas* se tiver instalado o SQL 2005 o versão superior.

A funcionalidade do Plate Designer (Desenhador de placas) no software HLA Fusion dá-lhe a flexibilidade de organizar e planear as suas amostras num formato de placa pronto para processamento através do sistema Luminex. Em primeiro lugar, é necessário criar uma lista de trabalho de amostras.

**Criar um desenho de placa - Pesquisar por amostra**



1. Selecione **Sample > Create Plate Design** (Amostra > Criar desenho de placa) no menu principal do HLA Fusion.

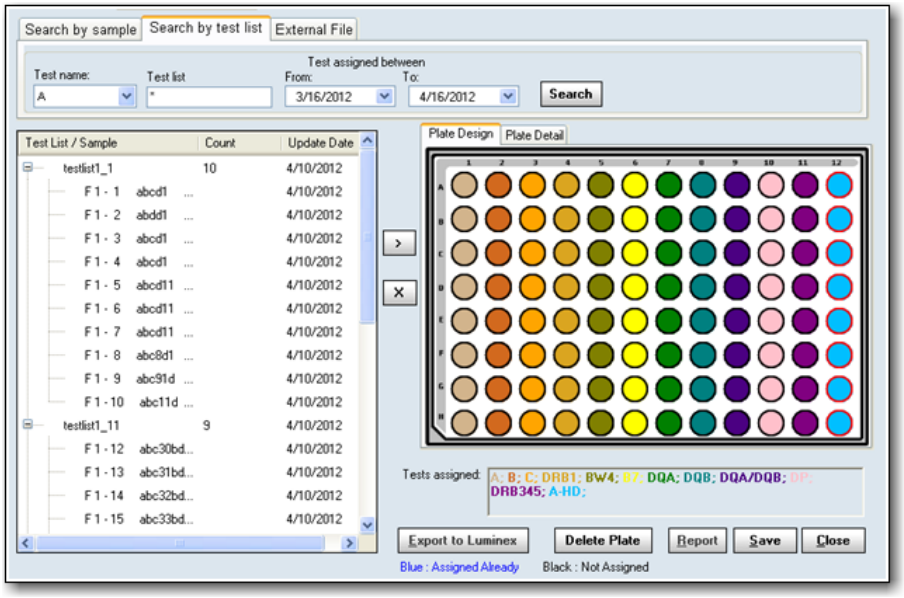
2. Introduza um nome para a nova placa ou selecione um nome de placa existente na lista pendente **Plate Name** (Nome da placa) para editar uma placa.

3. Selecione **LABScreen** ou **LABType** na lista pendente **Assay type** (Tipo de ensaio).
4. Proceda de uma das seguintes formas para pesquisar amostras:

   - Clique no separador **Search by sample** (Pesquisar por amostra), utilize os critérios de pesquisa para especificar as amostras que gostaria de atribuir aos poços de placas e clique em **Search** Search (Pesquisar).

   - Clique no separador **Search by test list** (Pesquisar por lista de testes), utilize os critérios de pesquisa para especificar as listas de testes que gostaria de atribuir aos poços de placas e clique em **Search** Search (Pesquisar).

**Criar um desenho de placa - Pesquisar por lista de testes**




5. Selecione uma amostra ou várias amostras (ao manter premido o botão do rato a arrastar) e utilize o botão de setas esquerdas **<<**para atribuir estas amostras a um poço na placa. Repita este procedimento até concluir o desenho da sua placa. Para remover uma amostra da placa, realce o poço que contém a amostra e clique no **X**.

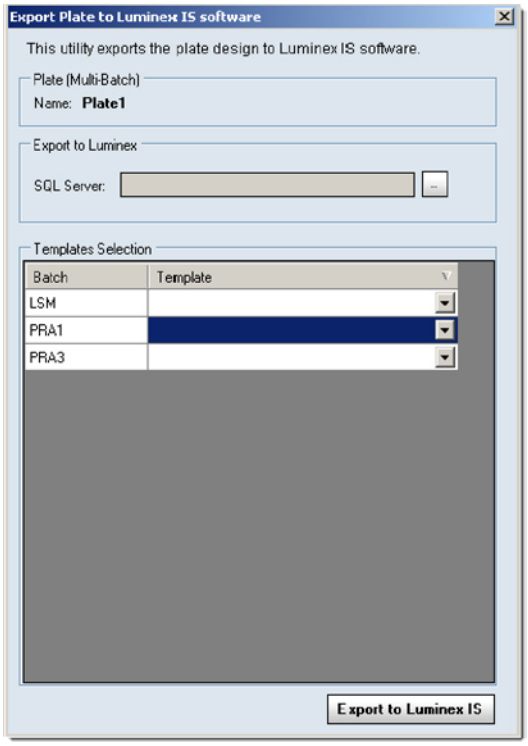
6. Clique em **Optimize** (Otimizar) para permitir que o sistema do Fusion organize as amostras selecionadas de forma apropriada na placa.

7. Clique em **Save** (Guardar) para guardar o desenho da sua placa.

8. Clique em **Report** (Relatório) se pretender ver e imprimir um relatório das informações do desenho da sua placa: Posição do poço, nome de ID de amostra e nome de ID de teste.

9. Clique em **Export to Luminex IS** (Exportar para o Luminex IS) para criar um desenho de placa que é exportado e pode ser aberto e utilizado através do software Luminex IS. Se selecionar esta opção, terá de atribuir modelos Luminex a cada tipo de teste no desenho de placa.

**Relatórios - Atribuir modelos Luminex**



# Informações do paciente

O HLA Fusion™ pode armazenar informações do paciente e ID de amostras associadas a pacientes e dadores. Pode armazenar todas as informações de tipologia e rastreio num local para cada paciente.

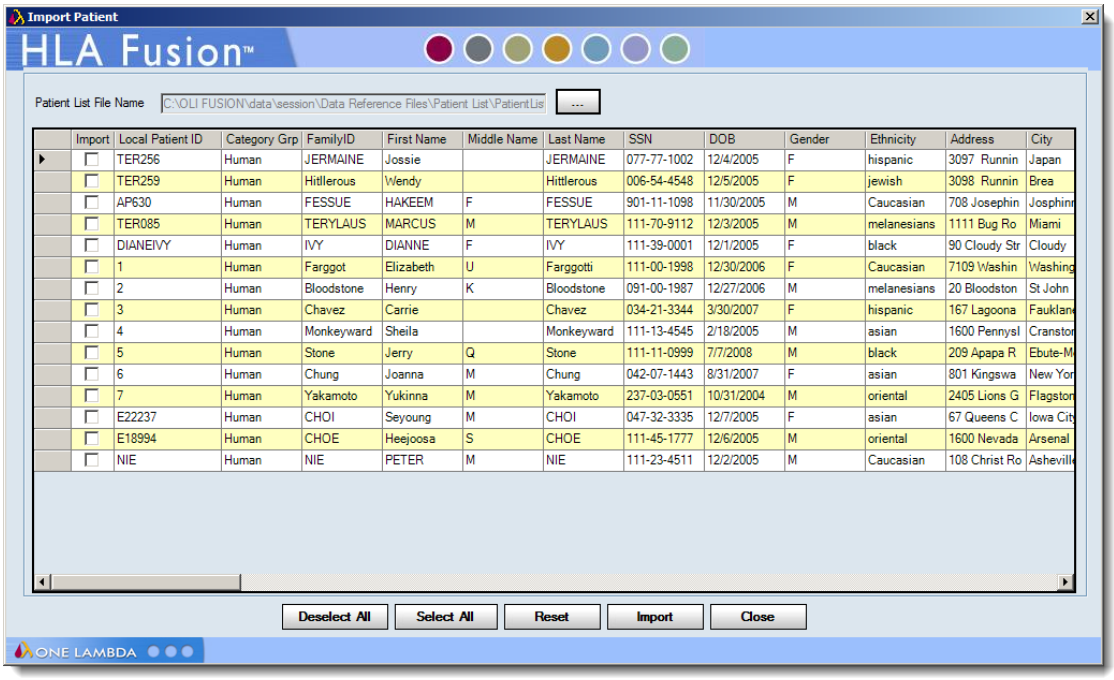
**Nota:** Verifique todos os dados que importar à medida que o HLA Fusion efetua a validação de dados mínima aquando da importação.

# Importar listas de pacientes/dadores

Depois de criar uma lista de pacientes/dadores, pode importar as informações para o HLA Fusion.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Import Patient List** (Informações do paciente > Importar lista de pacientes).

É apresentada a janela Patient Import (Importar paciente):


Import Patient
HLA Fusion™
Patient List File Name
C:\OLI FUSION\data\session\Data Reference Files\Patient List\PatientLis
...
Import | Local Patient ID | Category Grp | FamilyID | First Name | Middle Name | Last Name | SSN | DOB | Gender | Ethnicity | Address | City
TER256 | Human | JERMAINE | Jossie | JERMAINE | 077-77-1002 | 12/4/2005 | F | hispanic | 3097 Runnin | Japan
TER259 | Human | Hitllerous | Wendy | Hittlerous | 006-54-4548 | 12/5/2005 | F | jewish | 3098 Runnin | Brea
AP630 | Human | FESSUE | HAKEEM | F | FESSUE | 901-11-1098 | 11/30/2005 | M | Caucasian | 708 Josephin | Josphinn
TER085 | Human | TERYLAUS | MARCUS | M | TERYLAUS | 111-70-9112 | 12/3/2005 | M | melanesians | 1111 Bug Ro | Miami
DIANEIVY | Human | IVY | DIANNE | F | IVY | 111-39-0001 | 12/1/2005 | F | black | 90 Cloudy Str | Cloudy
1 | Human | Farggot | Elizabeth | U | Farggotti | 111-00-1998 | 12/30/2006 | F | Caucasian | 7109 Washin | Washing
2 | Human | Bloodstone | Henry | K | Bloodstone | 091-00-1987 | 12/27/2006 | M | melanesians | 20 Bloodston | St John
3 | Human | Chavez | Carrie | Chavez | 034-21-3344 | 3/30/2007 | F | hispanic | 167 Lagoona | Faukla
4 | Human | Monkeyward | Sheila | Monkeyward | 111-13-4545 | 2/18/2005 | M | asian | 1600 Pennysl | Cranstor
5 | Human | Stone | Jerry | Q | Stone | 111-11-0999 | 7/7/2008 | M | black | 209 Apapa R | Ebute-M
6 | Human | Chung | Joanna | M | Chung | 042-07-1443 | 8/31/2007 | F | asian | 801 Kingswa | New Yor
7 | Human | Yakamoto | Yukinna | M | Yakamoto | 237-03-0551 | 10/31/2004 | M | oriental | 2405 Lions G | Flagstor
E22237 | Human | CHOI | Seyoung | M | CHOI | 047-32-3335 | 12/7/2005 | F | asian | 67 Queens C | Iowa City
E18994 | Human | CHOE | Heejoosa | S | CHOE | 111-45-1777 | 12/6/2005 | M | oriental | 1600 Nevada | Arsenal
NIE | Human | NIE | PETER | M | NIE | 111-23-4511 | 12/2/2005 | M | Caucasian | 108 Christ Ro | Asheville
Deselect All
Select All
Reset
Import
Close
ONE LAMBDA

**Janela Importar paciente**

2. Selecione a caixa de verificação na coluna **Import** (Importar) para cada paciente que pretende importar.
3. Clique no botão **Import** (Importar) para importar os pacientes verificados.
4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

**Nota:** O sistema HLA Fusion verifica as listas de pacientes/dadores que tenta importar para verificar se todos os carateres incluídos nos dados são suportados pelo Fusion. Se o seu sistema tiver carateres não suportados, é apresentada uma mensagem para o informar e a lista não é importada.

Os registos de pacientes recentemente importados apresentam os alelos no novo formato de nomenclatura. Os registos de pacientes existentes apresentam os alelos com o formato de alelos existente.

# Gerir registos de pacientes/dadores

O menu Patient/Donor Management (Gestão de pacientes/dadores) permite-lhe gerir um registo de cada vez.

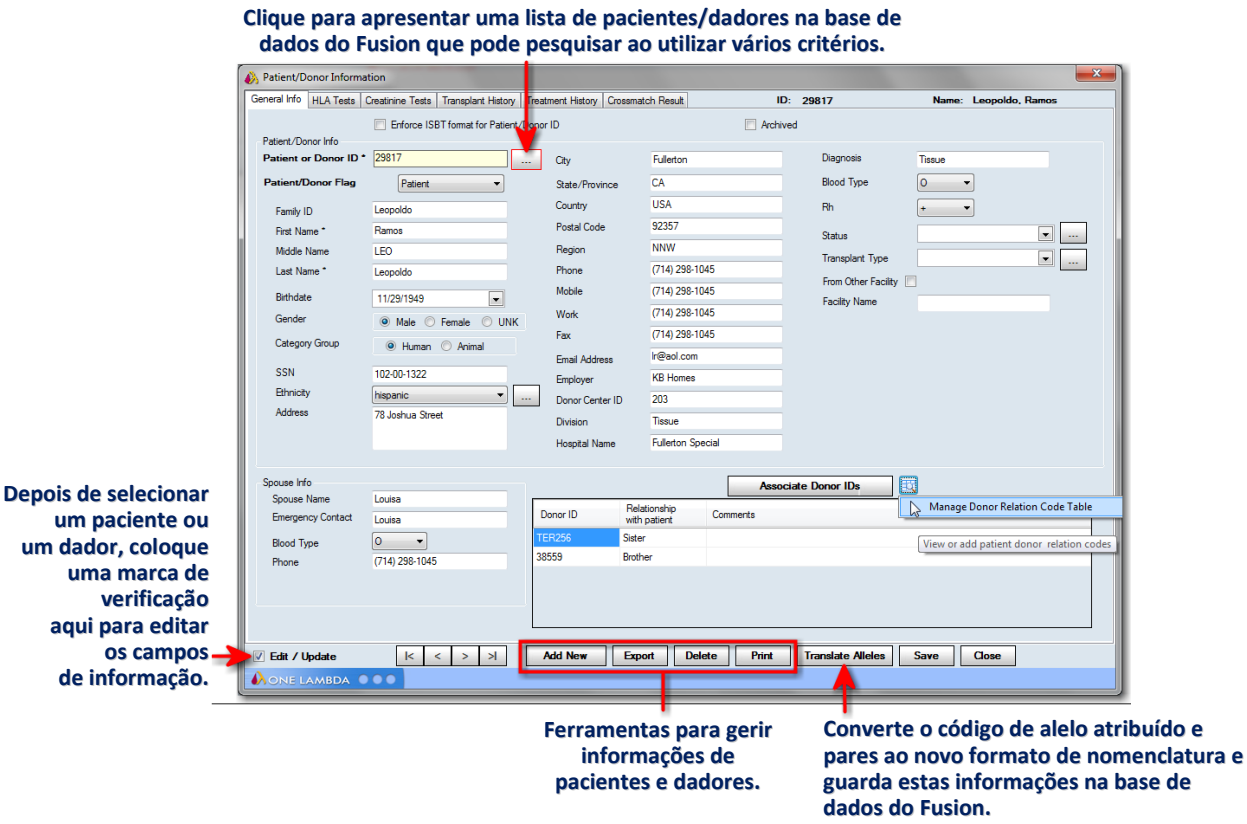
No menu Patient/Donor Management (Gestão de pacientes/dadores) pode:

- Adicionar novos registos de pacientes/dadores
- Pesquisar registos de pacientes/dadores existentes
- Editar registos de pacientes/dadores
- Associar IDs de pacientes/dadores a IDs de amostras
- Associar registos de pacientes e dadores
- Atribuir um dados ao PRA do dador
- Imprimir, exportar e arquivar registos de pacientes

## Adicionar novos registos de pacientes/dadores

Pode adicionar informações de pacientes utilizando o menu Patient/Donor Information (Informações de pacientes/dadores). Esta é a melhor opção para adicionar um pequeno número de registos de pacientes.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).


Clique para apresentar uma lista de pacientes/dadores na base de dados do Fusion que pode pesquisar ao utilizar vários critérios.
Depois de selecionar um paciente ou um dador, coloque uma marca de verificação aqui para editar os campos de informação.
Ferramentas para gerir informações de pacientes e dadores.
Converte o código de alelo atribuído e pares ao novo formato de nomenclatura e guarda estas informações na base de dados do Fusion.
Patient/Donor Information
Add New
Export
Delete
Print
Translate Alleles
Save
Close

2. Introduza uma ID no campo **Patient/Donor** (Paciente/dador). A ID pode ser alfanumérica (contém letras e/ou números), ou clique em **Search** (Pesquisar) e selecione um paciente/dador da lista.

3. Introduza as informações do paciente/dador. Os campos com um asterisco (*****) são obrigatórios.

4. Clique em Add New(Adicionar novo) para guardar os dados e adicionar as informações de pacientes/dadores à base de dados do Fusion.

5. Clique em Close (Fechar) para fechar e regressar ao menu principal.

### Procurar registos de pacientes/dadores

Esta opção permite-lhe procurar pelos registos ou pesquisar registos específicos.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).

2. Introduza uma ID de paciente/dador e clique em **Retrieve** (Recuperar) para apresentar as informações de pacientes. Ou clique em **Search** (Pesquisar) para procurar registos de pacientes e procurar por nome, ID de paciente, se está ativo ou arquivado, etc.

3. Realce um registo de paciente e clique em **OK** para apresentar.

### Editar registos de pacientes/dadores

**Nota:** É necessário ser um supervisor para poder editar um registo de pacientes/dadores.

É possível editar todas as informações de pacientes/dadores (exceto ID de paciente/dador).

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).

2. Selecione um registo de paciente/dador.

3. Selecione a caixa de verificação junto ao Edit Mode (Editar modo). Existe a mesma caixa de verificação Edit Mode (Editar modo) em ambos os formulários divididos por separadores.

4. Edite as informações de pacientes/dadores em um ou ambos os formulários divididos por separadores. Os campos com um asterisco (*) são obrigatórios.

5. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as suas alterações.

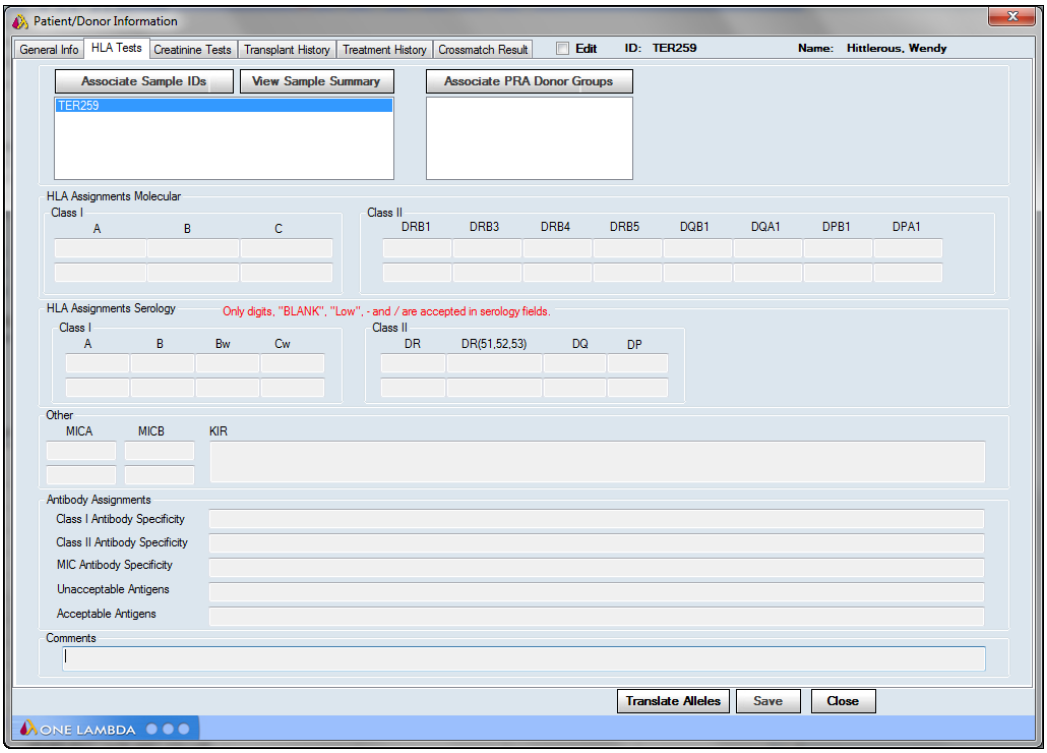
6. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

## Associar uma ID de paciente/dador a IDs de amostras

Não é possível associar uma ID de amostra a mais de um registo de paciente ou dador, mas um registo de paciente ou dador poderá ter mais de uma ID de amostra associada ao mesmo.

No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).

1. Selecione o separador HLA Tests (Testes HLA).




**Ecrã Informações de pacientes/dadores – Separador Testes HLA**

2. Clique no botão **Associate Sample IDs** (Associar IDs de amostras).
3. Na janela ***Patient/Donor Sample Association*** (Associação de amostras de pacientes/dadores), realce uma ID de amostra e clique em **>** para a adicionar à **Patient/Donor Sample List** (Lista de amostras de pacientes/dadores). (Clique em **<** para remover uma ID de amostra realçada da lista.)
4. Clique em **Save** (Guardar) para guardar os dados.
5. Clique em **OK** para regressar ao registo do paciente.
6. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Traduzir resultados de pacientes/dadores associadas a novo código de alelos

É possível traduzir os resultados de pacientes ou dadores para atualizar os nomes de códigos de alelos para o novo formato de códigos de alelos NMDP.

O novo formato irá afetar o código de alelos e pares de alelos atribuídos ao paciente/dador selecionado e será armazenado na base de dados do Fusion no novo formato.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).
2. Selecione um registo de paciente/dador.
3. Clique em **Translate Alleles** (Traduzir alelos).
4. Clique em **Save** (Guardar) para guardar os dados.
5. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

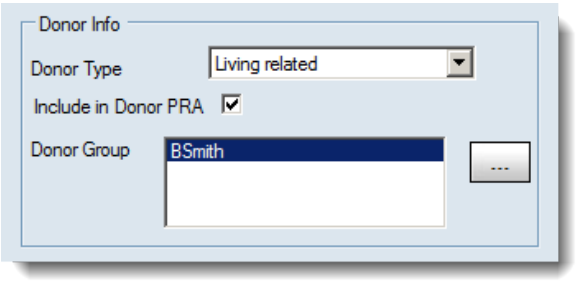
### Associar registos de pacientes e dadores

É possível associar uma ID de paciente a mais de um registo de dador e uma ID de dador pode ter mais de um registo de paciente associado à mesma.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).
2. Selecione um registo de paciente/dador.
3. Clique no separador **Test Info** (Informações do teste).
4. Clique no botão Associate Donor IDs (Associar IDs de dador).
5. Na janela **Patient/Donor Sample Association** (Associação de amostras de pacientes/dadores), realce uma ID de dador e clique em **>**para a adicionar à **Patient/Donor Sample List** (Lista de amostras de pacientes/dadores). (Clique em **<** para remover uma ID de dador realçada da lista.)
6. Clique em **Save** (Guardar) para guardar os dados.
7. Clique em **OK** para regressar ao registo de pacientes.
8. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Associar um doador a resultados de PRA do dador

É possível incluir uma ID de dador no cálculo para a percentagem de PRA do dador para os antigénios.




1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).
2. Selecione um dador ou crie um novo.

3. Certifique-se de que o paciente/dador arquivado é definido para **Donor** (Dador).
4. Selecione a caixa de verificação **Include in Donor PRA** (Incluir no PRA do dador).

### Imprimir registos de pacientes/dadores

O HLA Fusion imprime ambos os separadores Record Management (Gestão de registos) independentemente do separador atualmente visualizador.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).
2. Selecione um registo de paciente/dador.
3. Clique em **Print** (Imprimir) para imprimir.
4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Exportar registos de pacientes/dadores

É possível exportar registos de pacientes/dadores individualmente para um ficheiro CSV. O ficheiro tem o mesmo formato que uma lista de pacientes.

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).
2. Selecione um registo de paciente/dador.
3. Clique em **Export** (Exportar) para exportar.
4. Selecione uma localização para guardar o ficheiro CSV e introduza um nome do ficheiro.
5. Clique em **Save** (Guardar).
6. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Arquivar registos de pacientes/dadores

Os registos de pacientes/dadores arquivados estão agora disponíveis para criação de relatórios ou associação. Pode continuar a visualizar os registos arquivados e a reativá-los ao anular a seleção da caixa de verificação Archive (Arquivar).

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações do paciente > Gerir paciente).
2. Clique no separador **General Info** (Informação geral).
3. Selecione um registo de paciente/dador.
4. Na janela **Patient/Donor List** (Lista de pacientes/dadores), selecione **Archive** (Arquivar) na lista pendente **Active/Archive** (Ativo/Arquivar).
5. Clique em **Save** (Guardar) para guardar.
6. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Eliminar registos de pacientes/dadores

É possível eliminar registos de pacientes/dadores através da opção de menu Manage Patient (Gerir paciente).

1. No menu principal, selecione **Patient Info > Manage Patient** (Informações de pacientes > Gerir paciente).
2. Clique no separador **General Info** (Informação geral).
3. Selecione um registo de paciente/dador.
4. Clique em **Delete** (Eliminar) para eliminar o registo de paciente/dador da base de dados do Fusion.
5. Clique em **Save** (Guardar).

### Criar listas de pacientes/dadores

O seguinte é um exemplo de uma lista de pacientes que pode ser criada e as diretrizes para o fazer. A lista de pacientes tem de ser formatada para importar através de um programa como Excel ou Bloco de notas e guardada como um ficheiro CSV compatível com Windows.

O primeiro campo/secção tem de conter os nomes dos campos da lista de pacientes, cada um separado por vírgulas.

**Nota:** Criar uma nova lista de pacientes pode ser simplificado ao exportar primeiro uma lista existente para o formato CSV e utilizar os respetivos campos para criar a sua nova lista.

Nomes de campos da lista de pacientes e formato

```
PatientIDName,CategoryGrp,FamilyID,FirstName,MiddleName,LastName,Ssn,Dob,Gender,Ethni
city,Address,City,State,Region,Country,ZipCode,Email,Phone,WkPhone,Cellular,Fax,Emplo
yer,SpouseName,SpouseBloodType,EmergencyContact,EmrgncyTel,DCN,HospitalName,Division,
BloodType,Disease,RhBloodType,PatientDonorFlg,Associated SampleIDs,Associated
DonorIDs,HLA1_A,HLA2_A,HLA1_B,HLA2_B,HLA1_BW,HLA2_BW,HLA1_C,HLA2_C,HLA1_DRB1,HLA2_DRB
1,HLA1_DRB3,HLA2_DRB3,HLA1_DRB4,HLA2_DRB4,HLA1_DRB5,HLA2_DRB5,HLA1_DQB1,HLA2_DQB1,HLA
1_DQA1,HLA2_DQA1,HLA1_DPB1,HLA2_DPB1,HLA3,HLA1_DRB4,HLA2_DRB4,HLA1_DRB5,HLA2_DRB5,HLA
1_DQB1,HLA2_DQB1,HLA1_DQA1,HLA2_DQA1,HLA1_DPB1,HLA2_DPB1,HLA1_DPA1,HLA2_DPA1,HLA1_MIC
A,HLA2_MICA,HLA1_MICB,HLA2_MICB,HLA_KIR,ClassI_AbSpec,ClassII_AbSpec,MIC_AbSpec,Unacc
eptableAntigens,AcceptableAntigens,Notes,SHLA1_A,SHLA2_A,SHLA1_B,SHLA2_B,SHLA1_Cw,SHL
A2_Cw,SHLA1_DR,SHLA2_DR,SHLA1_DR345,SHLA2_DR345,SHLA1_DQ,SHLA2_DQ,SHLA1_DP,SHLA2_DP,D
onorType,IncludeInDonorPRA
```

As linhas subsequentes devem listar as informações do paciente atual, por ordem alfanumérica (podem ser letras e/ou números) separadas por vírgulas. Se não existir nenhuma informação para o paciente num campo particular, esse campo necessita ainda assim de uma vírgula como marcador de posição.

**Nota:** Para *todas* as entradas de serologia manuais, o locus tem de preceder o valor. Por exemplo, para um locus A de valor 23, tem de introduzir **A23**.

**Exemplo de lista de pacientes/dadores**

```
PatientID,CategoryGrp,FamilyID,FirstName,MiddleName,LastName,Ssn,Dob,Gender,Ethnicity,Address,City,State,Region,Coun
try,ZipCode,Email,Phone,WkPhone,Cellular,Fax,Employer,SpouseName,SpouseBloodType,EmergencyContact,EmergencyTel,DCN,H
ospitalName,Division,BloodType,Disease,RhBloodType,PatientDonorFLg,Associated SampleIDs,Associated DonorIDs,HLA1
_A,HLA2_A,HLA1_B,HLA2_B,HLA1_Bw,HLA2_Bw,HLA1_C,HLA2_C,HLA1_DRB1,HLA2_DRB1,HLA1_DRB3,HLA2_DRB3,HLA1_DRB4,HLA2
_DRB4,HLA1_DRB5,HLA2_DRB5,HLA1_DQB1,HLA2_DQB1,HLA1_DQA1,HLA2_DQA1,HLA1_DPB1,HLA2_DPB1,HLA1_DPA1,HLA2_DPA1,HLA1
_MICA,HLA2_MICA,HLA1_MICB,HLA2
_MICB,HLA_KIR,ClassI_AbSpec,ClassII_AbSpec,MIC_AbSpec,UnacceptableAntigens,AcceptableAntigens,Notes,SHLA1_A,SHLA2
_A,SHLA1_B,SHLA2_B,SHLA1_Cw,SHLA2_Cw,SHLA1_DR,SHLA2_DR,SHLA1_DR345,SHLA2_DR345,SHLA1_DQ,SHLA2_DQ,SHLA1_DP,SHLA2
_DP,DonorType,IncludeInDonorPRA
38450,Human,Neely,Jason,,Neely,021-09-2987,2/17/2001,M,caucasoid,560 Waiting
Street,,CA,NWW,USA,91022,jneely@yahoo.com,(213) 567-0987,(213) 567-0987,(213) 567-0987,(213) 567-0987,MIT
Research,Evvonne,AB,Evvonne,(213) 509-0198,101,St Judes's Hospital,MARROW Transplant,O,bONE
MARROW+,,Patient,,,
```

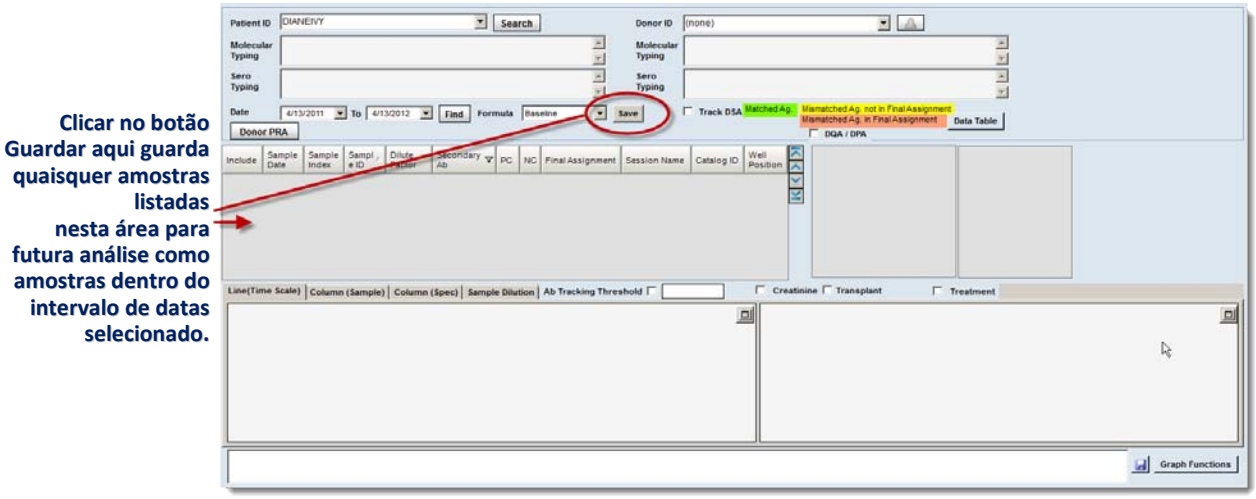
# Localização de anticorpos de pacientes

É possível localizar a resistência de anticorpos para cada paciente ao longo de um período de tempo. As informações localizadas são obtidas a partir dos dados de tipologia armazenados no seu cartão de informações de paciente/dador e dados de anticorpos nas suas amostras de análise (LABScreen Single Antigen [Antigénios simples LABScreen] e LABScreen Singles [Individuais LABScreen]). Proceda da seguinte forma para apresentar gráficos e dados que localizam os dados de anticorpos de um paciente.

Certifique-se de que introduziu as informações do paciente e dador no HLA Fusion. Caso contrário, pode importá-las de uma lista de pacientes e/ou introduzir manualmente os dados no separador **Test Info** (Informações do teste) no cartão de informações do paciente/dador. Os registos de pacientes e dadores têm de estar associados.

1. Selecione **Patient Info > Ab Tracking** (Informações do paciente > Localizar anticorpos).

   É apresentada a janela Patient Antibody Tracking (Localizar anticorpos de pacientes).



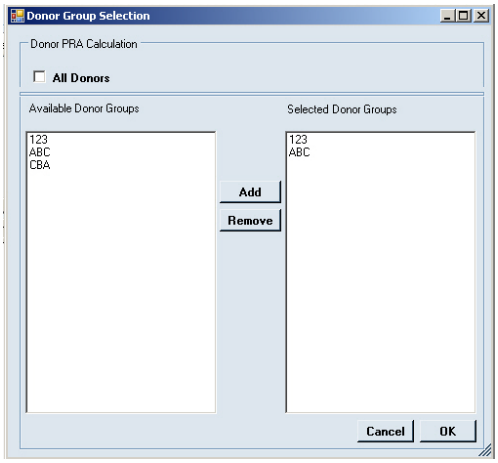

Janela Localizar anticorpos de pacientes

2. Clique na seta pendente junto ao campo **Patient ID** (ID de paciente) para selecionar entre uma lista de pacientes armazenados na sua base de dados do Fusion. Ou clique em **Search** (Pesquisar) e pesquise por ID de paciente, primeiro e último nome, etc.
3. Os campos de tipologia molecular e serológica são automaticamente preenchidos com os dados disponíveis para o paciente especificado.
4. Selecione o intervalo de datas de início e fim no qual pretende ver os dados de antigénio de amostras para este paciente (clique nas setas pendentes nos campos de data para apresentar um calendário).
5. Pode selecionar Secondary Ab (Anticorpo secundário) ou introduzir um à sua escolha. Esta é uma forma para filtrar amostras e significa que as amostras que pretende visualizar têm de ter um anticorpo secundário. Caso contrário, não estarão disponíveis quando clicar em **Find** (Localizar).

- (Opcional) Pode apresentar a percentagem de PRA dos dadores disponíveis no sistema ou de grupos de dadores selecionados que correspondam aos anticorpos atribuídos por computador para a amostra atual.

6. Clique no botão **Donor PRA** (PRA do dador) para apresentar a caixa de diálogo seguinte a partir da qual pode selecionar os grupos de dadores ou todos os dadores.

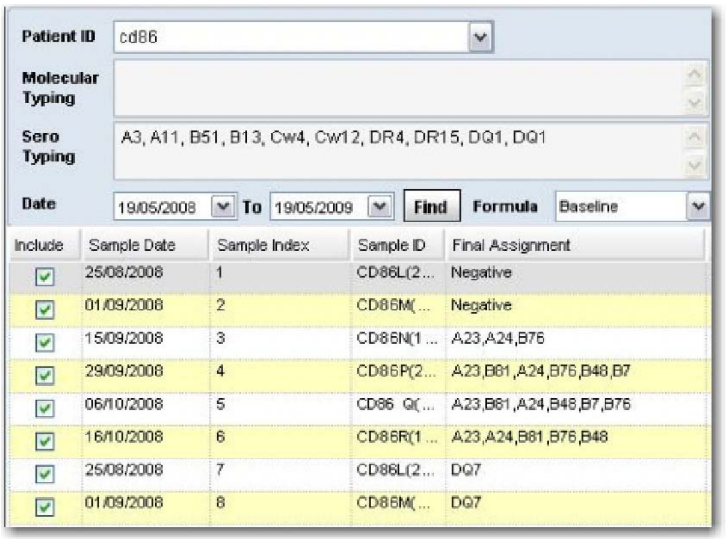
O cálculo de PRA do dador é apresentado junto ao botão **Donor PRA** (PRA do dador).




**Seleção de grupo de dadores**

7. Clique no botão **Find** (Localizar) para apresentar uma lista de amostras para este paciente que se encontrem dentro do intervalo de datas especificado.

**Localizar lista de pacientes**

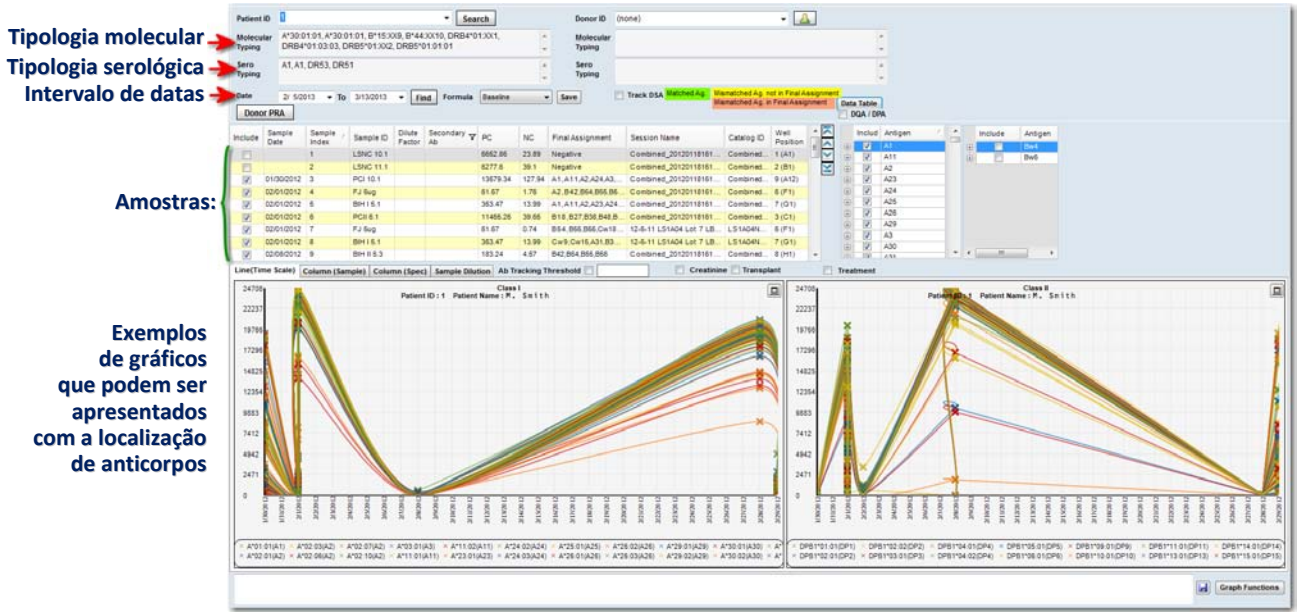



**Nota:** Para adicionar atribuições finais a uma amostra, clique duas vezes na coluna **Final Assignment** (Atribuição final) para a amostra, para apresentar a janela de análise e adicionar a atribuição. Além disso, é possível incluir apenas amostras com uma data nesta localização. Se a coluna Sample Date (Data da amostra) estiver vazia para uma amostra, clique na célula vazia Sample Date (Data da amostra) e utilize o localizador de datas pendente para adicionar uma data.

8. Selecione a caixa de verificação na coluna **Include** (Incluir) para a(s) amostra(s) que pretende incluir nos gráficos e dados de localização de anticorpos.

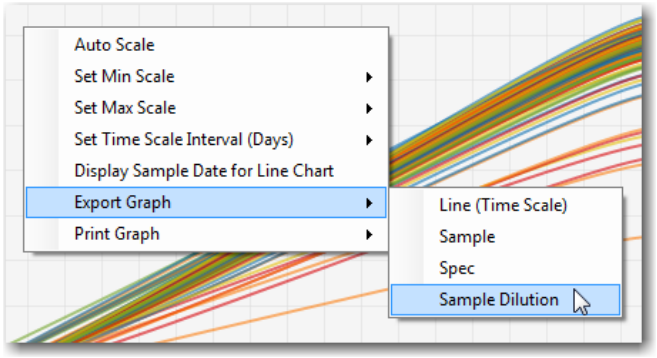
Os gráficos são apresentados (para apresentar um tipo de gráfico específico, clique no separador associado).

9. Selecione a caixa de verificação para o(s) antigénio(s) que pretende incluir na localização.


Tipologia molecular
Tipologia serológica
Intervalo de datas
Amostras:
Exemplos de gráficos que podem ser apresentados com a localização de anticorpos

Incluir lista de antigénios

Opções disponíveis se clicar com o botão direito num gráfico.



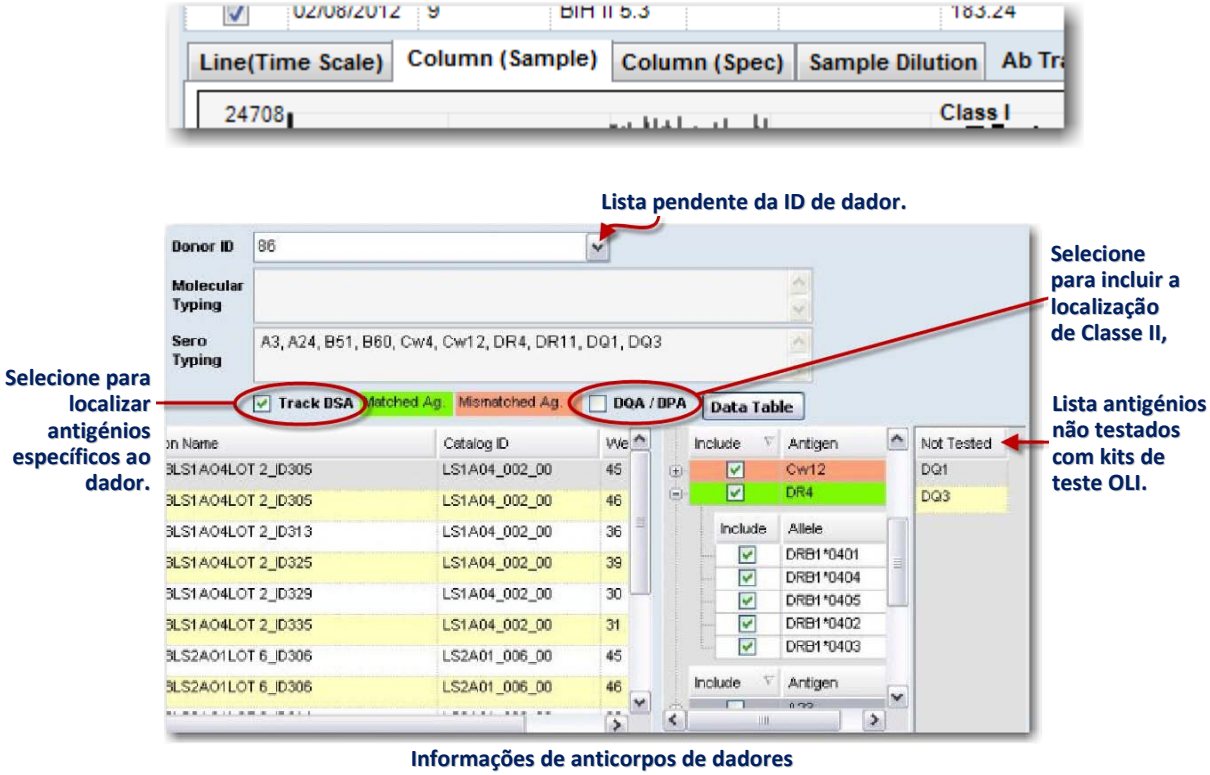

10. Selecione a fórmula a utilizar para os gráficos ao clicar na seta pendente no campo **Formula** (Fórmula) (Default [Predefinida] versus Raw [Em bruto]). A fórmula também pode ser alterada depois da apresentação dos gráficos, caso pretenda comparar a localização com diferentes fórmulas.

Pode clicar duas vezes num gráfico para o expandir e aí encontrará opções ao clicar com o botão direito do rato em cada gráfico (consulte o gráfico abaixo). Pode igualmente utilizar os botões para expandir/contrair nos cantos superiores direitos para expandir os gráficos.

- (*Opcional)* Pode adicionar dados do doador, se desejar, ao utilizar a seta pendente junto ao campo Donor ID (ID de dador) para selecionar a partir de uma lista de dadores associados ao paciente selecionado. Também pode criar um novo dador ao inserir um nome único no campo Donor ID (ID de dador) e preencher a tipologia molecular e serológica.

- (*Opcional)* Introduza um valor numérico no campo **User-defined cutoff** (Valor de interrupção definido pelo utilizador). Se pretende localizar a força do sinal de anticorpos com ou sem o valor de interrupção aplicado, selecione ou anule a seleção da caixa junto a **User-defined cutoff** (Valor de interrupção definido pelo utilizador).

- (*Opcional)* Selecione a caixa de verificação junto a **Track DSA** (Localizar DSA) para localizar antigénios específicos de dadores. Se tiver esta opção selecionada e existirem antigénios específicos a dadores que não foram testados com kits de produtos OLI, estes são listados.




- (*Opcional)* Selecione a caixa de verificação DQA/DPA para incluir estes na localização de Classe II.

- (*Opcional)* Introduza manualmente a tipologia de dadores no campo **Sero Typing** (Tipologia serológica).

11. Clique no botão **Data Table** (Tabela de dados) para apresentar um ficheiro CSV com a tabela de dados em bruto com o sinal de antigénios do paciente ao longo de um período de tempo.
A tabela pode ser impressa ou exportada.

# Gestão de perfis

O HLA Fusion™ rastreia todas as alterações nos dados de análise efetuadas pelos utilizadores e permite uma maior segurança dos dados através de uma confirmação dupla dos resultados de análise (Guardar e confirmar) . O HLA Fusion também armazena informações laboratoriais gerais a serem utilizadas nos relatórios, incluindo vários códigos laboratoriais contratuais.

# Gestão de utilizadores

No menu principal Profile (Perfil) pode:

- Adicionar novos utilizadores
- Editar perfis de utilizador existentes
- Alterar palavras-passe
- Repor palavras-passe
- Arquivar utilizadores

O HLA Fusion utiliza dois níveis de utilizadores para uma maior segurança e controlo dos resultados de tipologia e rastreio.

| O supervisor pode... | O técnico laboratorial pode... |
|---|---|
| Modificar todas as definições de configuração do produto | Modificar todas as definições de configuração do produto—exceto ativar **Auto Accept All** (Aceitar todos automaticamente) e **Computer Generated Serology** (Serologia gerada por computador) para produtos LABType e Micro SSP |
| Guardar e confirmar resultados de análise | Analisar os dados e guardar os resultados de análise |
| Atualizar ficheiros de referência, como catálogos e códigos NMDP | *(Apenas se autorizado pelo supervisor*) - Atualizar ficheiros de referência, como catálogos e códigos NMDP |
| Arquivar catálogos | Arquivar catálogos |
| Modificar e eliminar dados da sessão e amostra | (*Apenas se autorizado pelo supervisor*) - Modificar e eliminar dados da sessão e amostra |
| Modificar a sua própria conta de utilizador ou outras contas de utilizador | Modificar apenas a própria conta |
| Alterar o perfil do laboratório | Gerir informações de amostras e pacientes |

### Visualizar a lista de utilizadores

A opção List User (Listar utilizadores) apresenta um alista de todos os utilizadores atualmente na base de dados, tanto ativos como não. Pode procurar e selecionar perfis de utilizadores.

1. No menu principal, selecione **Profile > List User** (Perfil > Listar utilizadores).
2. Introduza um nome e clique em **Search** (Pesquisar) para pesquisar os utilizadores atuais.
3. Clique duas vezes no lado esquerdo de uma entrada de utilizador para ver o perfil.
4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Adicionar novos utilizadores

Os supervisores podem adicionar novos utilizadores ao nível de supervisor ou técnico. Os técnicos não podem adicionar novos utilizadores. Os campos com um asterisco (*****) são obrigatórios.

1. No menu principal, selecione **Profile > List User** (Perfil > Listar utilizadores).
2. Clique em **Add User** (Adicionar utilizador) para adicionar um novo utilizador.
3. Introduza novas informações do utilizador.
4. Selecione a caixa de verificação **Active** (Ativo) no campo Role (Função) para ativar a conta de utilizador.

**Nota:** Se este for um perfil de um técnico laboratorial e pretende permitir a atualização do ficheiro de referência e/ou privilégios de gestão de dados para este utilizador, selecione as caixas de verificação apropriadas.

5. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as novas informações do utilizador e regressar ao menu principal ou clique em **Close** (Fechar) para ignorar as alterações e regressar ao menu principal sem guardar.

### Editar perfis de utilizador

Os supervisores podem editar o perfil de utilizados de qualquer utilizador. Os técnicos só podem editar os seus próprios perfis. Os campos com um asterisco (*****) são obrigatórios.

1. Para editar o seu próprio perfil, selecione **Profile > My Profile** (Perfil > O meu perfil).
2. Para selecionar a partir de uma lista de utilizadores, selecione **Profile > List User** (Perfil > Listar utilizadores) e clique duas vezes no lado esquerdo de um utilizador para selecionar esse perfil.
3. Edite as informações do utilizador.

4. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as informações do utilizador e regressar ao menu principal.

5. Clique em **Close** (Fechar) para ignorar as alterações e regressar ao menu principal sem guardar.

### Alterar palavras-passe

Os supervisores podem alterar palavras-passe para qualquer utilizador, mas têm de ter à sua disposição a palavra-passe antiga do utilizador. Os técnicos só podem alterar as suas próprias palavras-passe.

1. No menu principal, selecione **Profile > My Profile** (Perfil > O meu perfil).

2. No perfil de utilizador, clique no botão **Change Password** (Alterar palavra-passe).

3. Introduza as palavras-passe atual e nova.

4. Clique no botão **Save Password** (Guardar palavra-passe) para alterar a palavra-passe. Ou clique em **Close** (Fechar) para fechar e regressar ao menu principal sem alterar a palavra-passe.

### Repor palavras-passe

Se um utilizador perder ou se esquecer da sua palavra-passe, o HLA Fusion pode repor a palavra-passe. A nova palavra-passe é a mesma que o nome de utilizador do utilizador. Apenas os supervisores podem repor a palavra-passe de um utilizador.

1. No menu principal, selecione **Profile > List User** (Perfil > Listar utilizadores) e selecione um utilizador.

2. No perfil de utilizador, clique no botão **Reset Password** (Repor palavra-passe).

3. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Alterar privilégios de utilizador

Apenas os supervisores podem modificar o nível de privilégios de um utilizador.

1. No menu principal, selecione **Profile> List User** (Perfil > Listar utilizadores)

2. Clique duas vezes no lado esquerdo de um utilizador para abrir o seu perfil.

3. No perfil de utilizador, selecione a caixa de verificação junto a **Manage Data** (Gerir dados) ou **Update Reference Files** (Atualizar ficheiros de referência) ou ambos, para conceder ao utilizador selecionado privilégios para estas atividades na aplicação do Fusion.

4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal.

### Desativar utilizadores

Os supervisores podem desativar utilizadores que já não estejam a utilizar o HLA Fusion. As informações do utilizador continuam armazenadas na base de dados, mas o utilizador não é capaz de iniciar sessão no programa.

1. No menu principal, selecione **Profiles > List User** (Perfis > Listar utilizadores) e selecione um utilizador para editar.

2. Anule a seleção da caixa de verificação **Active** (Ativo) para desativar o utilizador.

3. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as informações do utilizador e regressar ao menu principal ou clique em **Close** (Fechar) para ignorar as alterações e regressar ao menu principal sem guardar.

**Nota:** Se um User ID (ID de utilizador) continuar associada a registos de análise, essa ID de utilizador não pode ser eliminada.

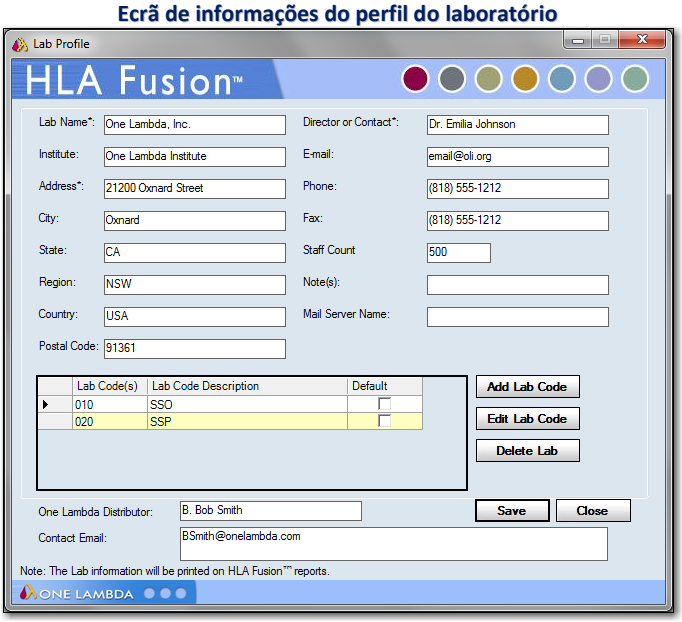
# Perfil do laboratório

O menu Lab Profile (Perfil do laboratório) apresenta as informações de contacto para o seu laboratório, informações da rede utilizada pelo HLA Fusion e códigos laboratoriais contratuais NMDP. A maioria destas informações são introduzidas durante a instalação, mas podem ser atualizadas em qualquer altura. Apenas os supervisores podem alterar o perfil do laboratório.

No menu Lab Profile (Perfil do laboratório) pode:

- Editar o perfil do laboratório
- Adicionar, editar e remover códigos laboratoriais
- Alterar o caminho da rede
- Alterar o nome do servidor de e-mail

**Ecrã de informações do perfil do laboratório**



### Editar o perfil do laboratório

As informações do laboratório são apresentadas na maioria dos relatórios e incluem informações de contacto para o seu laboratório. Estas informações são inicialmente introduzidas durante a instalação e podem ser editadas em qualquer altura no menu Lab Profile (Perfil do laboratório). Os campos com um asterisco (*) são obrigatórios.

1. No menu principal, selecione **Profile > Lab Profile** (Perfil > Perfil do laboratório).
2. Edite as informações do perfil do laboratório.
3. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as alterações e regressar ao menu principal ou clique em **Cancel** (Cancelar) para regressar ao menu principal sem guardar quaisquer alterações.

### Gerir códigos laboratoriais

Os códigos laboratoriais são utilizados em relatórios NMDP para identificar laboratórios contratuais. É possível introduzir e armazenar vários códigos laboratoriais no HLA Fusion. Pode selecionar o código laboratorial que pretende utilizar quando cria um relatório NMDP. Apenas os três primeiros dígitos de um código laboratorial são utilizados nos relatórios NMDP; as descrições do código laboratorial não são incluídas nos relatórios.

1. No menu principal, selecione **Profile > Lab Profile** (Perfil > Perfil do laboratório).

Adicionar, editar ou eliminar códigos laboratoriais:

- Clique em **Add Lab Code** (Adicionar código laboratorial) para adicionar um novo código laboratorial. Introduza as informações na nova fila.
- Realce um código laboratorial que pretenda editar. Clique em **Edit Lab Code** (Editar código laboratorial) para editar o código laboratorial.

2. Edite as informações do código laboratorial.
3. Realce um código laboratorial que pretenda eliminar.
4. Clique em **Delete Lab Code** (Eliminar código laboratorial) para eliminar o código laboratorial.
5. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as alterações e regressar ao menu principal ou clique em **Cancel** (Cancelar) para ignorar as alterações e regressar ao menu principal sem guardar.

# Acessórios

O HLA Fusion™ utiliza uma série de ficheiros de referência para a análise de dados que precisem de ser atualizados para novos produtos, lotes e revisões. Pode igualmente alterar várias definições globais de produtos para personalizar a análise para o seu laboratório e pode modificar as predefinições do sistema para refletir o seu sistema de ficheiros pessoal ou de rede.

**Aviso:** Utilize sempre os ficheiros de referência mais recentes para a análise. Caso contrário, os resultados da análise poderão não ser exatos.

## Gerir ficheiros de referência de catálogos

Os ficheiros de referência de catálogos contêm todas as informações específicas das reações necessárias para a análise, incluindo o seguinte:

- Especificidades de esferas e poços
- Informações de CQ
- Valores de interrupção
- Informações de esferas e primer

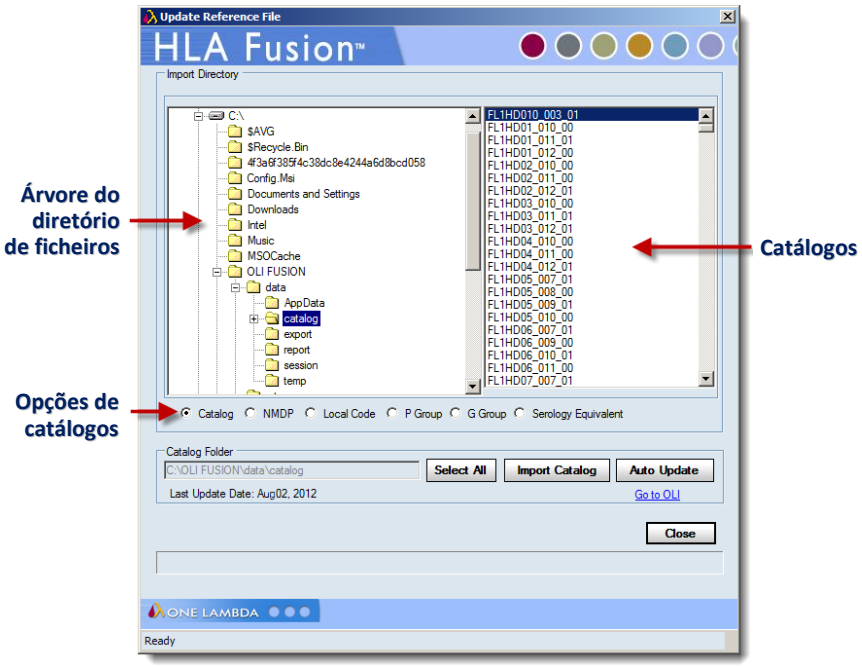
Cada novo lote ou revisão de um produto necessita do seu próprio ficheiro de catálogo para que os resultados da análise sejam exatos.

### Atualizar ficheiros de catálogo de uma unidade local ou de rede

Os supervisores laboratoriais podem introduzir novos ficheiros de catálogo para utilizar na análise quando estiverem disponíveis novos produtos, lotes ou atualizações. Os ficheiros de catálogo estão disponíveis também no site de transferências da One Lambda.

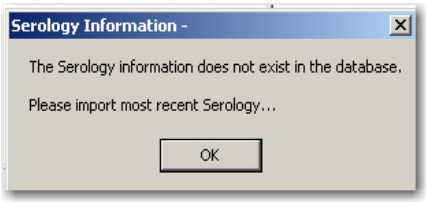
1. Na página principal ou em quaisquer páginas principais dos produtos, clique na ligação **[Download]** (Transferir) ou no menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Update Reference File** (Acessórios > Atualizar referência > Atualizar ficheiro de referência).

É apresentada a caixa de diálogo Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência).



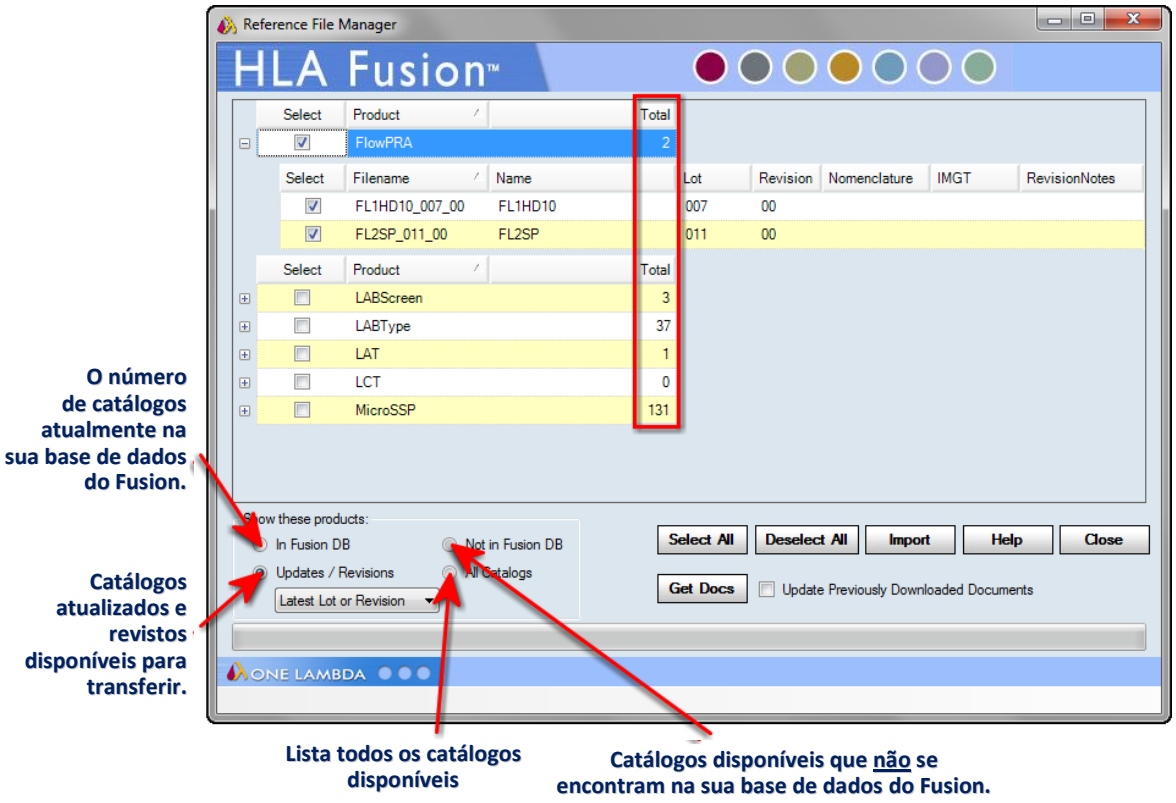
Se as suas informações de serologia estiverem desatualizadas ou se ainda não as importou, é apresentada uma mensagem como a ilustrada abaixo. Se não visualizar este tipo de mensagem, avance para o passo seguinte. Se visualizar a mensagem, clique em **OK** para abrir a caixa de diálogo Serology Import (Importar serologia).

**Aviso de ficheiro equivalente a serologia**




Certifique-se de que a opção **Catalog** (Catálogo) está selecionada.

2. Utilizando a árvore do diretório de ficheiros, localize os ficheiros de catálogo a serem importados.



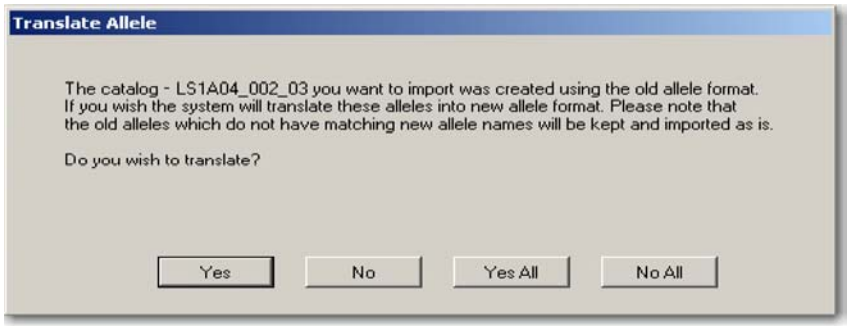

**Nota:** Para determinar qual o catálogo mais recente disponível, o HLA Fusion analisa primeiro o número de lote e depois o número de revisão. Um número de lote atualizado é assinalado como a versão mais recente de um catálogo, mesmo que exista também uma atualização no número de revisão do lote anterior desde a última vez que transferiu catálogos.

3. Realce os ficheiros que pretende importar ou clique em **Select All** Select All (Selecionar tudo) para selecionar todos os ficheiros listados.

Se selecionar um catálogo para importar que se encontre no antigo formato de alelo, é notificado através de uma mensagem. Se não visualizar esta mensagem, avance para o passo seguinte. Se visualizar a mensagem, selecione a opção Translate (Traduzir) que pretende utilizar antes de avançar para o passo seguinte.

**Nota:** Se selecionar Yes (Sim) ou Yes All (Sim a tudo), o software irá traduzir o antigo formato de alelo par ao formato mais recente. Para os produtos moleculares (LABType ou Micro SSP), o software ignora completamente o antigo formato, se não encontrar um alelo correspondente na nova lista de formatos. Para anticorpos, se o software não encontrar um alelo correspondente no novo formato, mantém o alelo do antigo formato, mas adiciona dois pontos.

**Opção para traduzir alelos**


Translate Allele
The catalog - LS1A04_002_03 you want to import was created using the old allele format.
If you wish the system will translate these alleles into new allele format. Please note that
the old alleles which do not have matching new allele names will be kept and imported as is.
Do you wish to translate?
Yes
No
Yes All
No All

5. Clique em **Yes** (Sim) ou **Yes All** (Sim a tudo) para importar os ficheiros de catálogo selecionados.

**Nota:** A importação do catálogo demora mais tempo se selecionar a opção para traduzir alelos.

6. Uma caixa de diálogo de confirmação apresente os resultados de importação, clique em **Close** (Fechar).

7. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu Update Reference (Atualizar referência).

Os ficheiros de catálogo importados podem ser utilizados sem reiniciar o Fusion.

## Atualizar ficheiros de catálogo a partir do site de transferências da One Lambda

- Os ficheiros de catálogo de produtos estão disponíveis no site de transferências da One Lambda (http://download.onelambda.com).

1. Na página principal ou em quaisquer páginas principais dos produtos, clique na ligação **Download** (Transferir) ou no menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Update Reference File** (Acessórios > Atualizar referência > Atualizar ficheiro de referência). É apresentada a caixa de diálogo Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência).

2. Clique em **Auto Update** (Atualização automática) para abrir a janela **Catalog Updates Selection** (Seleção de atualizações de catálogo) da One Lambda.

3. Selecione a caixa de verificação junto aos ficheiros que pretende importar. Clique nos sinais de mais ou menos na árvore do diretório de ficheiros para localizar os ficheiros de catálogo para cada produto. Pode também clicar em **Select All** (Selecionar tudo) ou **Deselect All** (Anular a seleção de tudo) para selecionar ou anular a seleção de todas as caixas de verificação de uma só vez.

4. Clique em **Import** (Importar) para importar os ficheiros de catálogo selecionados.

5. Quando a caixa de diálogo de confirmação apresentar os resultados de importação, clique em **OK**.

6. Clique em **Close** (Fechar) e, em seguida, clique em **Yes** (Sim) para regressar ao menu Update Reference (Atualizar referência).

Os ficheiros de catálogo importados podem ser utilizados sem reiniciar o Fusion.

**Nota:** Pode também clicar em **Go to OLI** (Ir para OLI), clique nas ligações par aos produtos e ficheiros de catálogo que pretende importar e siga as instruções de transferência.

Se a opção Auto Update (Atualização automática) não responder, verifique a sua conetividade à rede e se o URL definido para One Lambda em **Utilities > URLs & Paths**(Acessórios > URLS e caminhos) está correto.

# Atualizar ficheiros de referência de tipologia molecular

Os ficheiros de referência contêm informações de códigos de alelos e informações equivalentes de serologia utilizadas na análise. É importante atualizá-las regularmente para obter atribuição de serologia e códigos de alelos exatos.

No menu Update Reference (Atualizar referência) pode transferir os ficheiros necessários:

- Códigos NMDP
- Códigos locais
- Ficheiros equivalentes a serologia

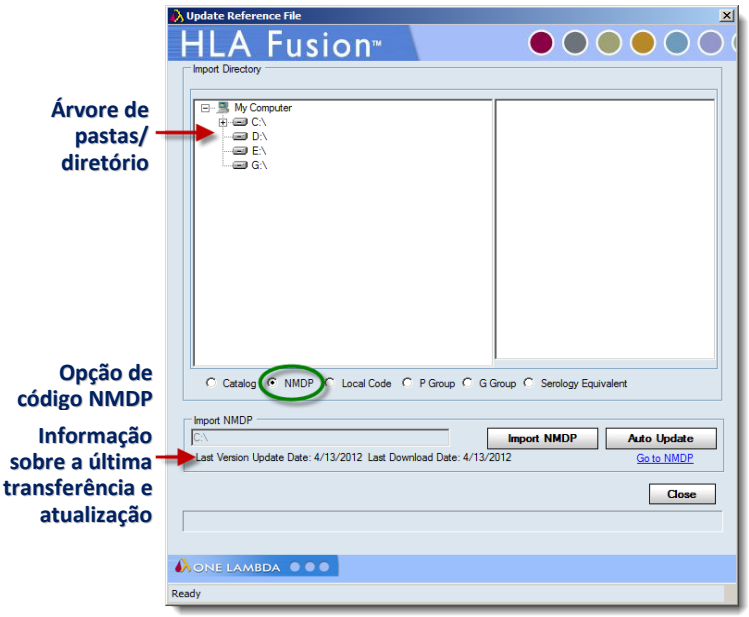
### Atualizar códigos NMDP de uma unidade local ou de rede

O National Marrow Donor Program (NMDP) fornece uma lista de códigos de alelos que podem ser utilizados na análise de tipologia molecular. Se tiver uma lista atual armazenada na sua unidade local ou em rede, utilize este procedimento para a importar, de forma a que o HLA Fusion possa aceder à mesma. O ficheiro de código NMDP mais recente está disponível no site de transferências NMDP.

1. Na página principal ou em quaisquer páginas principais dos produtos, clique na ligação **Download** (Transferir) ou no menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Update Reference File** (Acessórios > Atualizar referência > Atualizar ficheiro de referência).

   É apresentada a caixa de diálogo Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência).

2. Selecione a opção **NMDP**.




Atualização do código NMDP

3. Navegue até ao ficheiro NMDP numa unidade local ou em rede, utilizando a árvore **Import Directory** (Importar diretório).

4. Clique em **Import NMDP** (Importar NMDP) para importar o ficheiro selecionado.

5. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu Update Reference (Atualizar referência).

### Atualizar ficheiros NMDP a partir do website NMDP

Siga este procedimento para importar a lista NMDP do website NMDP.

1. Na página principal ou em quaisquer páginas principais dos produtos, clique na ligação **Download** (Transferir) ou no menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Update Reference File** (Acessórios > Atualizar referência > Atualizar ficheiro de referência).

2. É apresentada a caixa de diálogo Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência).

3. Selecione a opção **NMDP**.

4. Clique em **Auto Update** (Atualização automática), que importa automaticamente o ficheiro NMDP atual para utilizar no HLA Fusion. Ou clique em **Go to NMDP** (Ir para NMDP e siga as instruções para transferir um ficheiro NMDP a partir do website.

**Nota:** Se a opção Auto Update (Atualização automática) não responder, verifique a sua conetividade à rede e se o URL definido para NMDP em **Utilities > URLs & Paths** (Acessórios > URLS e caminhos) está correto.

### Criar um ficheiro de código local

Os ficheiros de código local são criados por laboratórios individuais; os códigos locais são criados para realizar atribuições de tipologia ambíguas mais fáceis de armazenar e ler. Por exemplo, as ambiguidades, como B*1501/1501N/1502, podem ser condensadas com um código para B*15AB para manter registos mais simples.

1. Copie o modelo de código local de um CD do HLA Fusion para uma unidade local.

2. Utilize um editor de texto para editar o modelo e adicionar definições de código.

3. Siga o formato do exemplo, utilizando um **Separador** para separar cada campo e uma barra oblíqua para separar vários valores num campo:

- código da letra <separador> extensão numérica do alelo à qual o código de aplica

4. Guarde o ficheiro como `local_code.txt`

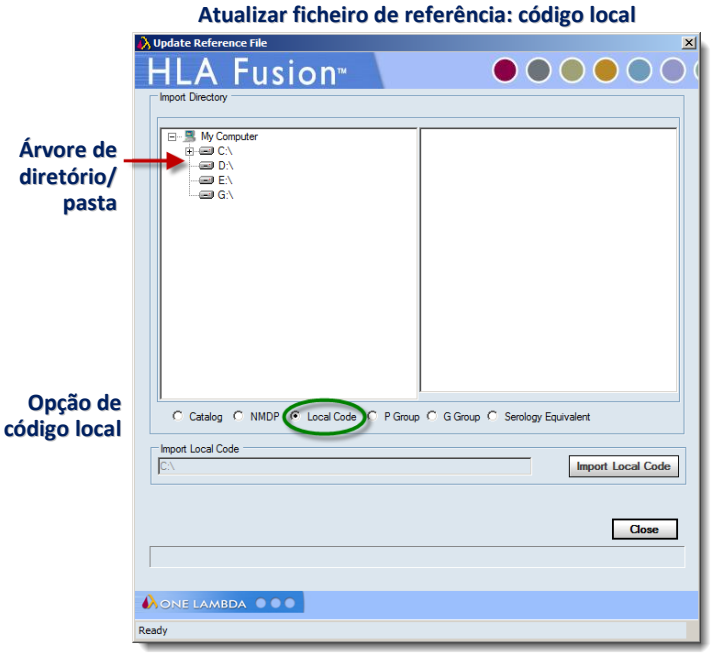
Consulte a secção seguinte, *Atualizar o ficheiro de código local*, para importar o ficheiro.

### Atualizar o ficheiro de código local

Após a criação de um ficheiro de código local, este tem de ser atualizado no HLA Fusion.

1. Na página principal ou em quaisquer páginas principais dos produtos, clique na ligação **Download** (Transferir) ou no menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Update Reference File** (Acessórios > Atualizar referência > Atualizar ficheiro de referência).

É apresentada a caixa de diálogo Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência).




2. Selecione a opção **Local Code** (Código local).

3. Utilize a árvore **Import Directory** (Importar diretório) para localizar e selecionar o ficheiro de código local a importar.

4. Clique em **Import Local Code** (Importar código local) para importar o(s) ficheiro(s) selecionado(s).

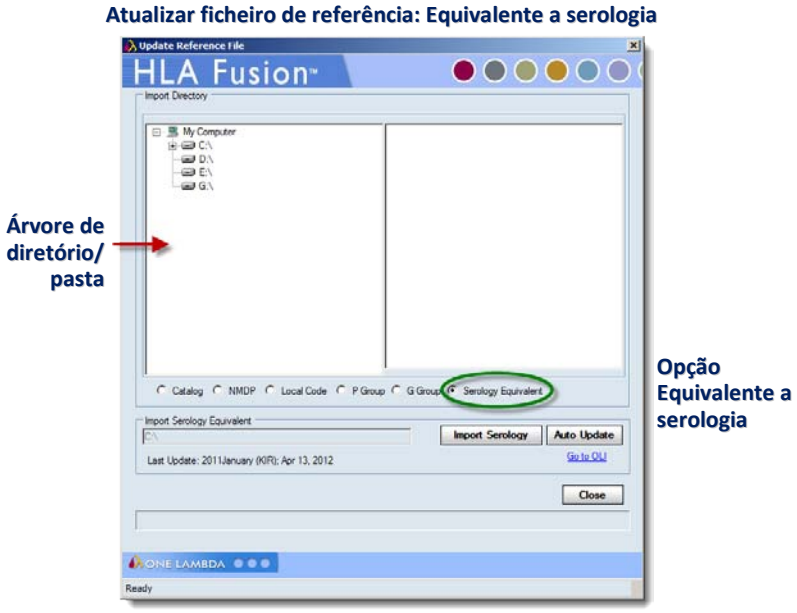
5. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu **Update Reference** (Atualizar referência).

### Atualizar ficheiro equivalente a serologia a partir do website One Lambda

O ficheiro equivalente a serologia pode ser atualizado automaticamente a partir do site de transferências da One Lambda (http://download.onelambda.com).

1. Na página principal ou em quaisquer páginas principais dos produtos, clique na ligação **Download** (Transferir) ou no menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Update Reference File** (Acessórios > Atualizar referência > Atualizar ficheiro de referência).

É apresentada a caixa de diálogo Update Reference File (Atualizar ficheiro de referência).




2. Selecione a opção **Serology Equivalent** (Equivalente a serologia).

3. Clique em **Auto Update** Auto Update (Atualização automática) para abrir a janela **Catalog Updates Selection** (Seleção de atualizações de catálogo) da One Lambda.

4. Selecione a caixa de verificação junto a todos os ficheiros que pretende importar.

5. Clique em **Import Serology** (Importar serologia) para importar os ficheiros selecionados. Os ficheiros de catálogo estão prontos para utilizar sem reiniciar o HLA Fusion.

6. Uma caixa de diálogo de confirmação apresente os resultados de importação, clique em **OK**.

7. Clique em **Close** Close (Fechar) e, em seguida, clique em **Yes** (Sim) para regressar ao menu Update Reference (Atualizar referência).

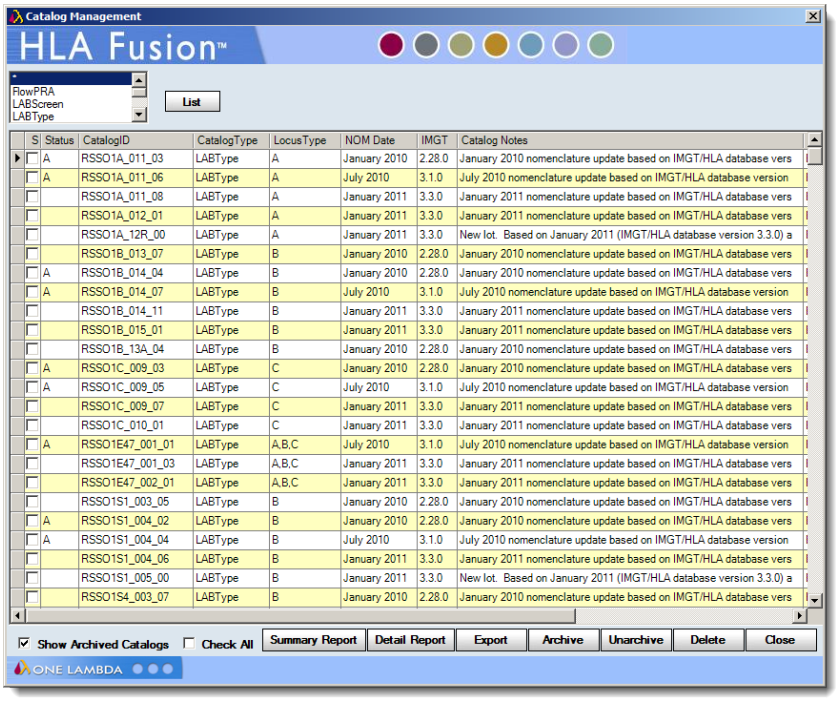
- Se a opção Auto Update (Atualização automática) não responder, verifique a sua conetividade à rede e se o URL definido para Serologia em **Utilities > URLs & Paths** (Acessórios > URLS e caminhos) está correto.

## Gestão e informações de catálogos

### Arquivar catálogos

Pode arquivar ficheiros de catálogos que já não são utilizados. As informações de catálogos continuam a existir na base de dados, mas não são incluídas na lista de ficheiros de catálogos disponíveis para análise. Os ficheiros de catálogos também podem ser reiniciados para utilizar na análise.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Catalog Information/Management** (Acessórios > Atualizar referência > Informações/gestão de catálogos).




**Arquivar catálogo**

2. Selecione a caixa de verificação **S (selecionar)** para os ficheiros de catálogos que pretende arquivar e clique em **Archive** Archive (Arquivar).

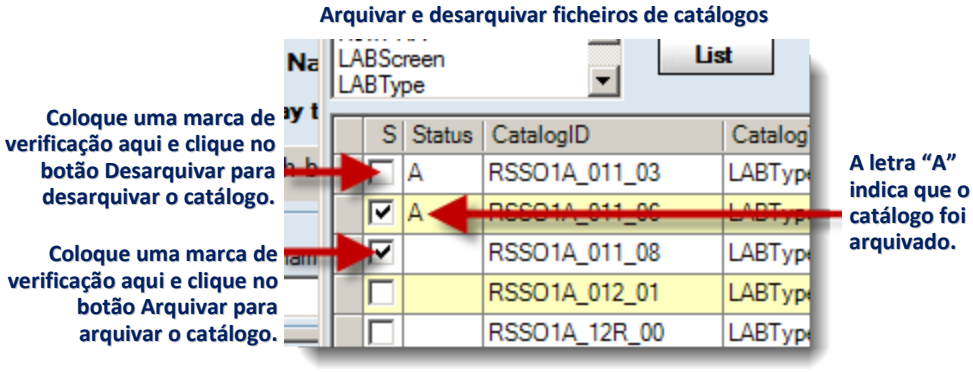
3. Quando uma mensagem de contexto apresentar **Data Saved** (Dados guardados), clique em **OK**.

4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao **menu principal**.

**Nota:** Quando importar uma nova versão de um ficheiro de catálogo, o sistema arquiva automaticamente a versão anterior.

## Desarquivar ficheiros

Os ficheiros de catálogos arquivador apresentam um **A** na coluna **Status** (Estado) quando visualiza a lista de catálogos e a caixa de verificação para **Show Archived Catalogs** (Mostrar catálogos arquivados) está selecionada.




- Na janela **Archive Catalog** (Arquivar catálogo), selecione as caixas de verificação junto aos catálogos que pretende desarquivar e clique em **Unarchive** (Desarquivar).

## Visualizar informações de ficheiros de catálogos

Pode visualizar informações sobre um ficheiro de catálogo e gerar um relatório no menu **Catalog Information** (Informações do catálogo). Os ficheiros de catálogos apresentados com um **A** na respetiva coluna Status (Estado) foram arquivados.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Catalog Management** (Acessórios > Atualizar referência > Gestão de catálogos).

2. Clique no cabeçalho de uma coluna se pretende ordenar a lista de ficheiros de catálogos.

3. Clique em **Report** (Relatório) para preencher um relatório que pode ser impresso e exportado das informações do catálogo atualmente apresentado.

## Eliminar informações de ficheiros de catálogos

Pode eliminar um ficheiro de catálogo no menu **Catalog Management** (Gestão de catálogos). Os ficheiros de catálogos apresentados com um **A** na respetiva coluna Status (Estado) foram arquivados.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Catalog Information/Management** (Acessórios > Atualizar referência > Informações/gestão de catálogos).

2. Selecione a caixa de verificação junto a qualquer catálogo que pretende eliminar.

3. Clique em Delete (Eliminar) para remover as informações do catálogo.

### Criação de relatório com as informações de ficheiros de catálogos

Pode visualizar e colocar em relatório, informações sobre um ficheiro de catálogo e gerar um relatório no menu **Catalog Information** (Informações de catálogos).

1. No menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Catalog Management** (Acessórios > Atualizar referência > Gestão de catálogos).

2. Clique no **cabeçalho de uma coluna** se pretende ordenar a lista de ficheiros de catálogos.

   - (*Opcional)* Se pretende um relatório no formato antigo, selecione a caixa de verificação junto a Old Format Report (Relatório no formato antigo).

3. Clique em **Report** (Relatório) para preencher um relatório que pode ser impresso e exportado das informações do catálogo atualmente apresentado.

### Associar ficheiros de catálogos de produtos e modelos Luminex

Pode associar um ficheiro de catálogo com o nome do modelo Luminex utilizado para um produto específico. O HLA Fusion associa automaticamente a ID de catálogo e nomes de modelos na primeira vez que executa a análise para o produto. Após a realização de uma associação, o HLA Fusion seleciona automaticamente o ficheiro de catálogo associado ao modelo utilizado no ficheiro CSV quando iniciar a análise. Pode igualmente adicionar, remover ou alterar manualmente as associações.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Catalog Template Association** (Acessórios > Associação de modelos de catálogo).

Adicionar, remover ou modificar uma associação:

2. Adicione uma nova associação.

3. Selecione um ficheiro de catálogo.

4. Introduza um novo nome de modelo ou clique em **Browse** (Procurar) para selecionar um ficheiro de modelo Luminex (formato .lxt) para associar ao nome de ficheiro.

5. Remova uma associação.

6. Selecione um ficheiro de catálogo.

7. Selecione um nome de modelo e clique em **Remove** (Remover).

Modificar uma associação:

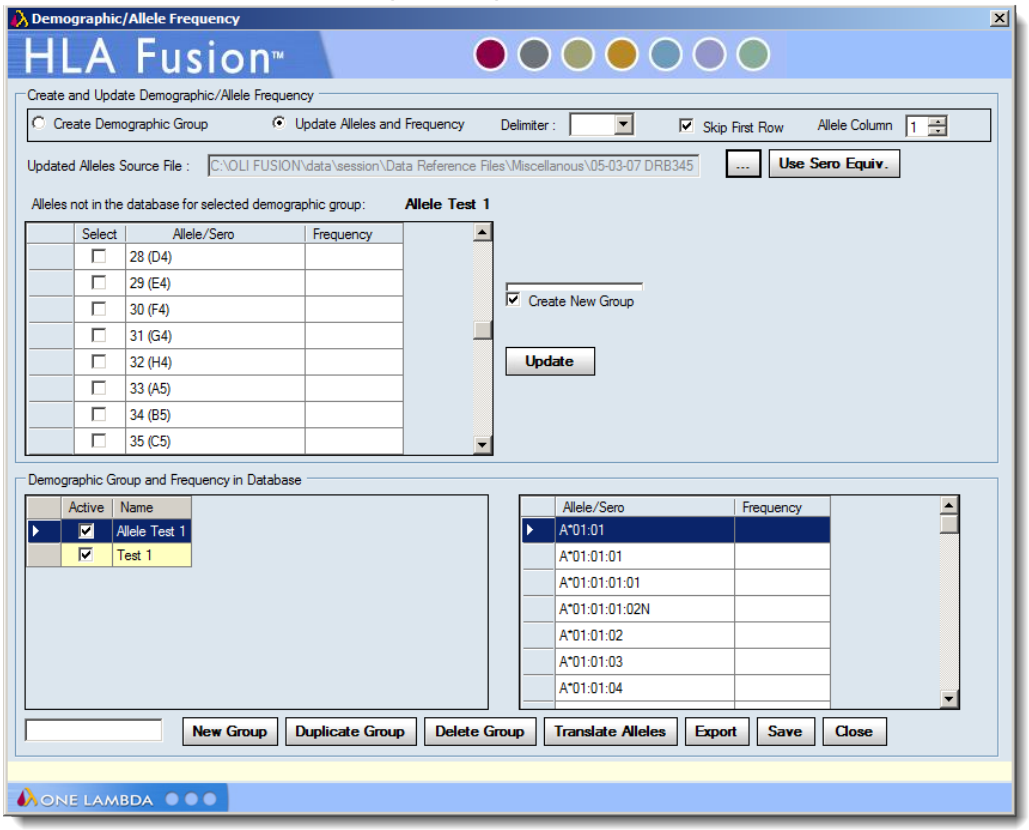
1. Selecione um ficheiro de catálogo.
2. Edite o(s) nome(s) de modelo(s) existente(s).
3. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as alterações.
4. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu principal

### **Importar ficheiros de frequência de alelos** (Frequência demográfica)

Pode importar ficheiros de frequência para utilizar na análise, com base nos dados demográficos.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Update Reference > Allele Frequency** (Acessórios > Atualizar referência > Frequência de alelos).
2. Selecione a opção **Create Demographic Group** (Criar grupo demográfico).

**Importar frequência de alelos**




3. Clique no botão **Browse** ... (Procurar) e localize os ficheiros Allele Frequency (Frequência de alelos).
4. Clique em **Import** (Importar).

Quando um ficheiro de frequência de alelos é importado com êxito, os grupos que contém são listados em **Demographic Group and Frequency in Database** (Grupos demográfico e frequência na base de dados).

5. Clique em **Save** (Guardar).

Se o cabeçalho para a coluna de qualquer ficheiro de frequência de alelos que importar estiver vazio, toda a coluna não é importada para o Fusion, independentemente de quaisquer outros dados que contenha. Se as colunas estiverem duplicadas, o Fusion dá-lhe uma mensagem de erro e não importa o ficheiro de frequência de alelos.

Os dados incluídos no ficheiro de frequência de alelos poderão parecer semelhantes a este gráfico.

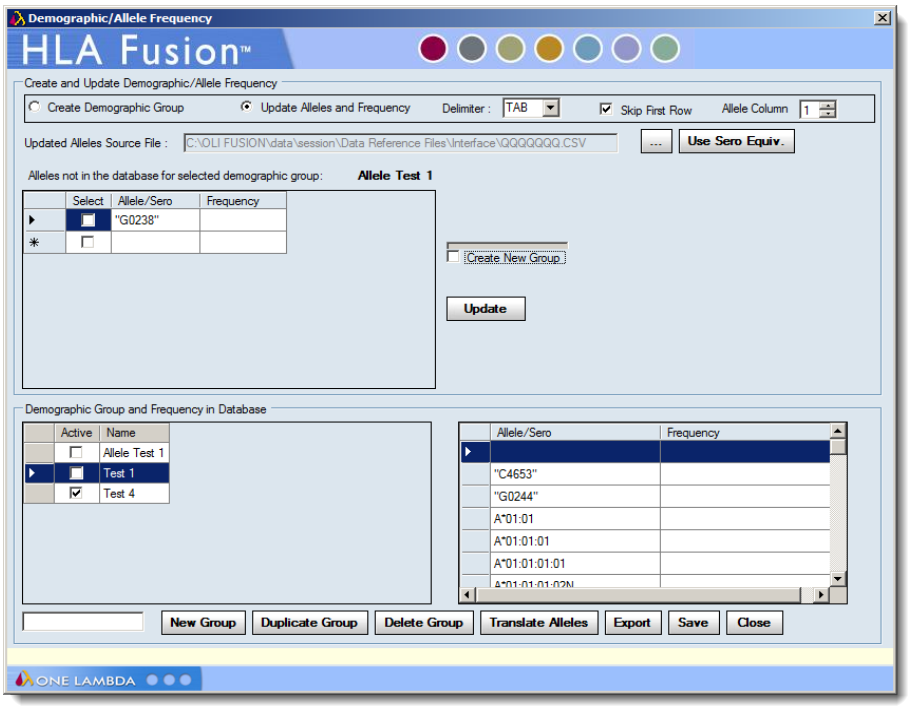
| | A | B | C | D |
|---|---|---|---|---|
| 1 | Official Name | Japan | Caucasian.oli2 | |
| 2 | A*0101 | 0.2 | 0.1 | 0.2 |
| 3 | A*010101 | 0.2 | 0.02 | 0.2 |
| 4 | A*01010101 | 0.2 | 0.003 | 0.2 |
| 5 | A*0201 | 10.9 | 2 | |
| 6 | A*02010101 | 10.9 | 56 | |
| 7 | A*020106 | 0.01 | 3 | |
| 8 | A*020107 | 0.01 | 4 | |
| 9 | A*020110 | 0.01 | 4 | |
| 10 | A*020301 | 0.02 | 0.02 | |
| 11 | A*020302 | 0.01 | 0.01 | |
| 12 | A*020601 | 10.4 | 10.4 | |
| 13 | A*020602 | 0.01 | | |
| 14 | A*0207 | 3.4 | 3.4 | |
| 15 | A*0210 | 0.1 | 0.1 | |
| 16 | A*0215N | 0.01 | | |
| 17 | A*0218 | 0.02 | 0.02 | |
| 18 | A*0228 | 0.02 | 0.02 | |
| 19 | A*0242 | 0.01 | | |
| 20 | A*0251 | 0.01 | 0.01 | |
| 21 | A*0253N | 0.01 | 0.01 | |
| 22 | A*0259 | 0.01 | | |
| 23 | A*0270 | 0.01 | 0.01 | |
| 24 | A*0271 | 0.01 | 0.01 | |
| 25 | A*0272 | 0.01 | | |
| 26 | A*0301 | 0.8 | 0.8 | |
| 27 | A*03010101 | 0.8 | 0.8 | |
| 28 | A*0302 | 0.02 | 0.02 | |
| 29 | A*1101 | 8.1 | 8.1 | |
| 30 | A*110101 | 8.1 | | |
| 31 | A*1102 | 0.1 | | |
| 32 | A*110201 | 0.1 | 0.1 | 0.1 |
| 33 | A*24020101 | 35.6 | 35.6 | 35.6 |
| 34 | A*24021 | 35.6 | 35.6 | 35.6 |
| 35 | A*2404 | 0.02 | 0.02 | 0.02 |
| 36 | A*2408 | 0.02 | 0.02 | 0.02 |
| 37 | A*2420 | 0.02 | 0.02 | 0.02 |
| 38 | A*2425 | 0.01 | 0.01 | 0.01 |
| 39 | A*2443 | 0.01 | 0.01 | |
| 40 | A*2601 | 9.8 | 9.8 | |
| 41 | A*260101 | 9.8 | 9.8 | |
| 42 | A*2602 | 2.2 | 2.2 | |
| 43 | A*2603 | 2.1 | 2.1 | |
| 44 | A*2604 | 0.01 | | |
| 45 | A*2605 | 0.02 | | |
| 46 | A*2606 | 0.02 | | |
| 47 | A*2611N | 0.01 | | |

## **Atualizar ficheiros de frequência de alelos** (Frequência demográfica)

Pode modificar os ficheiros de frequência de alelos antes de os utilizar na análise com base nos dados demográficos.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Update Reference >Allele Frequency** (Acessórios > Atualizar referência > Frequência de alelos).

**Importar frequência de alelos**




2. Selecione a opção **Update Alleles and Frequencies** (Atualizar alelos e frequências).
3. Clique no botão **Browse** ... (Procurar) e localize o ficheiro de frequência de alelos que pretende atualizar.
4. Clique duas vezes no ficheiro ou clique em **Open** (Abrir) na janela de procura.
5. Proceda de qualquer uma das seguintes formas para modificar o ficheiro:
   - Adicione/elimine alelos
   - Elimine dados demográficos existentes
   - Altere as frequências de alelos
   - Converta o formato de alelos
6. Clique em **Translate Alleles** (Traduzir alelos).
7. Clique em **Update** (Atualizar).
8. Clique em **Close** (Fechar).

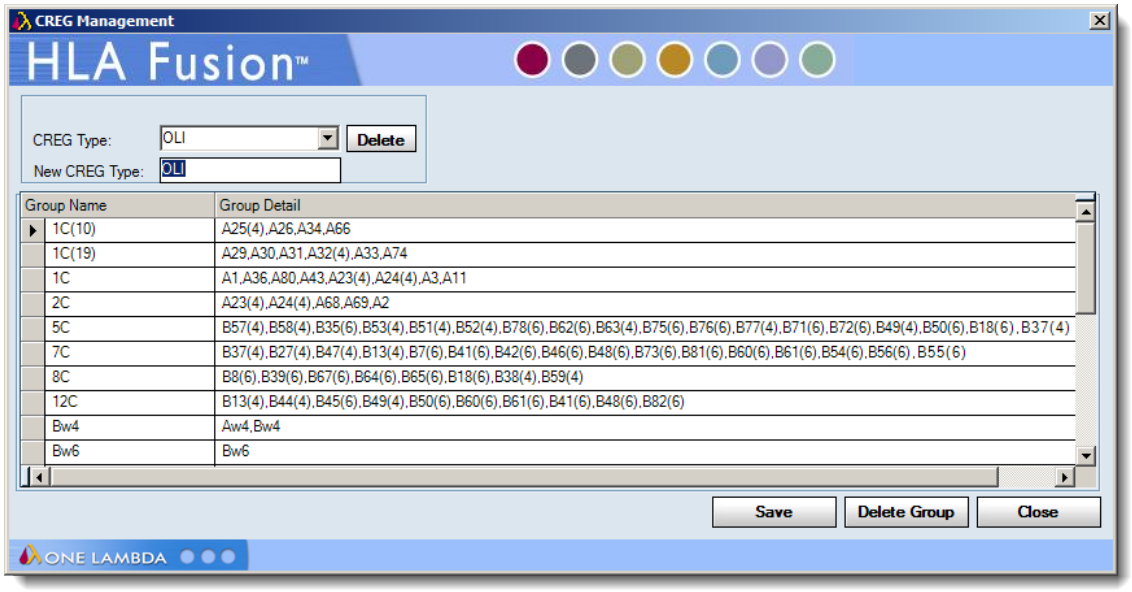
## Gerir informações da lista CREG

Pode modificar listas CREG existentes ou criar novas para utilizar na análise de PRA e Single Antigen LABScreen, FlowPRA, LAT ou LCT. Proceda da seguinte forma para criar ou modificar uma lista CREG:

1. Selecione **Utilities > Update Reference > CREG Information Management** (Acessórios > Atualizar referência > Gestão de informações CREG).

É apresentada a janela CREG Management (Gestão CREG).

**Ecrã Gestão CREG**




2. Selecione um grupo CREG existente na lista pendente **CREG Type** (Tipo de CREG) ou introduza um nome para o novo grupo no campo **New CREG Type** (Novo tipo CREG).

Proceda de uma das seguintes formas:

- Introduza informações novas ou modifique informações existentes nos campos **Group Name** (Nome do grupo) e/ou **Group Detail** (Detalhes do grupo) e clique em **Save** (Guardar).
- Realce uma fila de informações de grupo existentes e clique em **Delete Group** (Eliminar grupo).

3. Quando completar a criação ou modificação do grupo CREG, clique em **Close** (Fechar).

**Nota:** Verifique os seus dados antes de guardar e não misture alelos com o formato de nomenclatura antigo com alelos no formato mais recente na mesma tabela CREG.

# Alterar definições de configuração de produtos

As alterações nas definições de análise dos produtos aplicam-se apenas a amostras não analisadas anteriormente. As amostras analisadas anteriormente têm de ser reanalisadas para que as alterações sejam aplicadas.

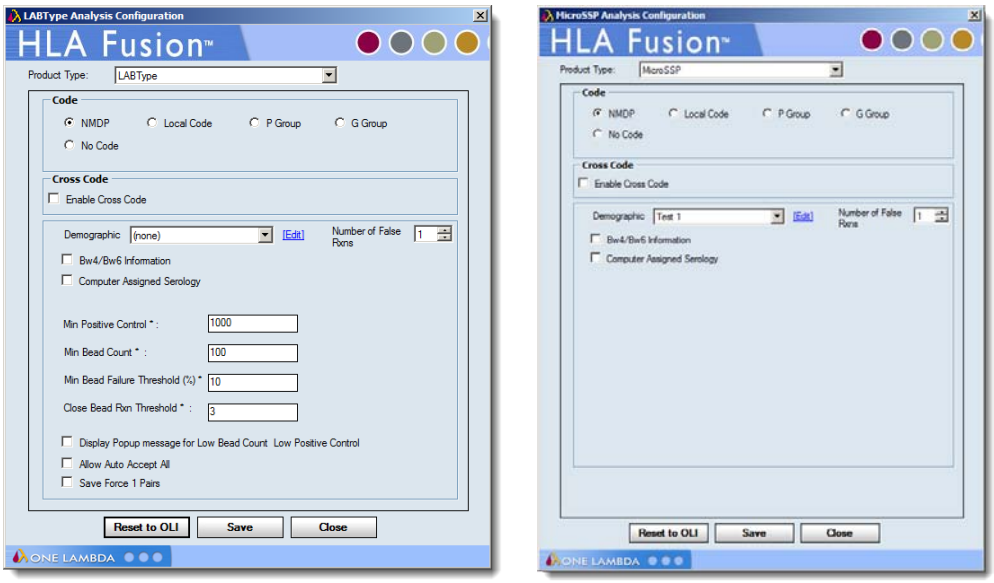
No menu Product Configuration (Configuração de produtos) pode

- Alterar a configuração do produto Micro SSP
- Alterar a configuração do produto LABType
- Alterar as definições do produto para a análise combinada LABScreen
- Alterar definições de análise de rastreio de anticorpos
- Alterar valores de soro negativo predefinidos para análise LABScreen

## Alterar a configuração de produtos moleculares

As alterações nas definições de análise LABType e Micro SSP aplicam-se apenas a amostras que ainda não foram guardadas ou confirmadas. Para alterar as definições de análise para amostras anteriormente guardadas ou confirmadas, deve alterar as definições na janela de análise de produtos e reanalisar a amostra.

1. Na página inicial LABType ou Micro SSP clique em **Edit** (Editar) ou selecione **Utilities > Molecular Product Configuration > Molecular Analysis Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos moleculares > Configuração de análise molecular) no menu principal do HLA Fusion.
2. Selecione **LABType** ou **Micro SSP** no menu pendente Product Type (Tipo de produto).




**Definições de configuração LABType e Micro SSP**

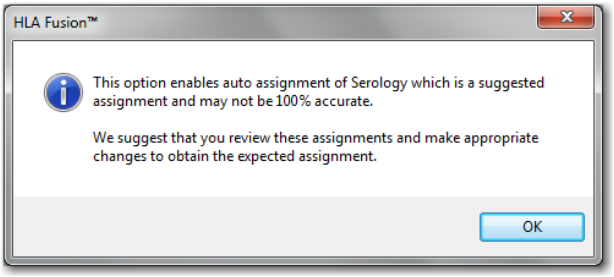
3. Altere os valores de configuração, conforme necessário.

   - **Save Force 1 Pairs** (Guardar pares de força 1) guarda pares de força 1 na base de dados durante a análise. Os pares de força 1 são igualmente apresentados nos relatórios que contêm estas informações.

   - **Allow Auto-Accept All** (Permitir a aceitação automática de tudo) *pode ser selecionado apenas por alguém com privilégios de utilizador supervisor* e permite selecionar um botão no resumo de sessão LABType para aceitar os resultados de análise de lote para todas as amostras.

   - **Computer Assigned Serology** (Serologia atribuída por computador) *pode ser selecionado apenas por alguém com privilégios de utilizador supervisor* e preenche automaticamente os campos de atribuição de serologia de análise LABType e Micro SSP, bem como armazena os resultados na base de dados. Se esta opção estiver selecionada, é apresentada uma mensagem de aviso para recordar que as atribuições são estimativas e não devem ser aceites sem verificação.

**Aviso de atribuição automática de serologia**


HLA Fusion™
This option enables auto assignment of Serology which is a suggested assignment and may not be 100% accurate.
We suggest that you review these assignments and make appropriate changes to obtain the expected assignment.
OK

4. Clique em **Save** Save (Guardar) para guardar as alterações.

5. Clique em **Close** Close (Fechar) para regressar ao menu Update Reference (Atualizar referência).

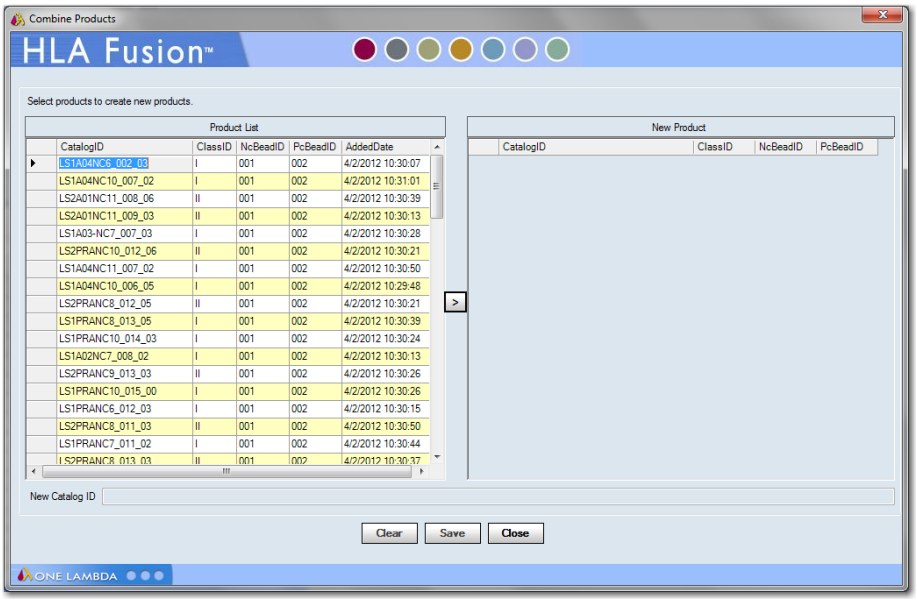
## Criar um catálogo de sessão combinada LABScreen

Para executar uma sessão de análise combinada LABScreen de classe I e II, crie um catálogo combinado para utilizar para a sua sessão. Tem de utilizar um ficheiro de catálogo de classe I e um ficheiro de catálogo de classe II com as mesmas esferas de controlo positivo e negativo, mas que não tenha outras esferas em comum.

1. Selecione **Utilities > Antibody Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos de anticorpos.) no menu principal do HLA Fusion.

2. Clique em **Create Combined Products** (Criar produtos combinados) para abrir o menu Combined Products (Produtos combinados).

**Ficheiros de catálogo combinado LABScreen**




3. Selecione o primeiro catálogo de produto a ser combinado e clique em >

4. Selecione o segundo catálogo de produto a combinar e clique em >.

   O nome do novo ficheiro de catálogo aparece na parte inferior do menu de seleção.

5. Clique em **Save** Save (Guardar) para guardar o novo ficheiro de catálogo combinado para utilizar na análise LABScreen.

   - **Opcional:** Clique em **Clear** (Limpar) para repor as seleções e iniciar de novo.

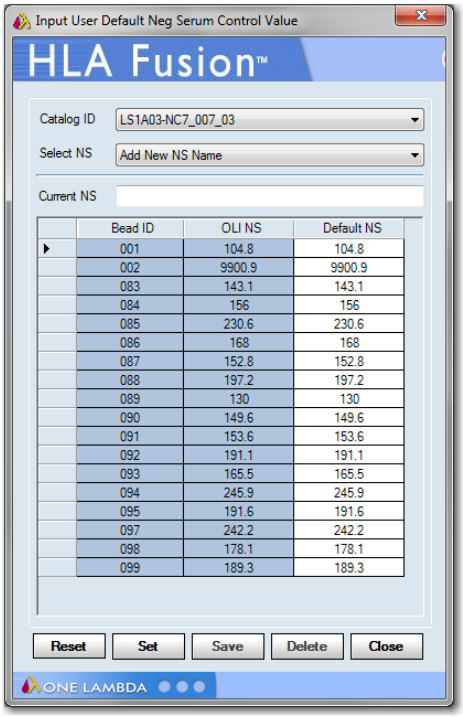
6. Clique em **Close** Close (Fechar).

## Alterar valor de soro negativo predefinido LABScreen

É possível ajustar ou adicionar soros de controlo para cada produto ou lote. Pode alterar o valor de fluorescência médio aparado para cada esfera individualmente.

1. Selecione **Utilities > Antibody Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos de anticorpos.) no menu principal do HLA Fusion.
2. Clique em **Set Default Negative Serum Value** (Definir valor de soro negativo predefinido) para abrir o ecrã Default Negative Serum Value (Valor de soro negativo predefinido).

**Definir valor de soro negativo predefinido**



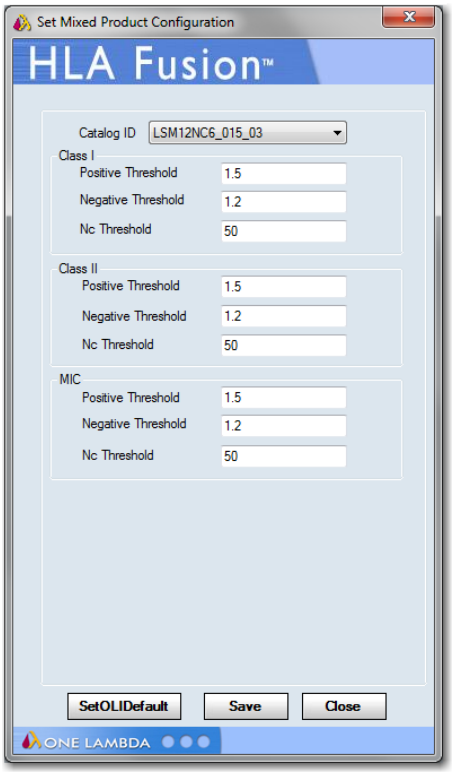

3. Selecione um ficheiro de catálogo.
4. Selecione um soro negativo existente ou
5. Selecione **Add New NS Name** (Adicionar novo nome de soro negativo) no menu pendente para criar um novo soro negativo.
6. Introduza um nome para o novo soro negativo no campo Current NS (Soro negativo atual).
7. Edite os valores Default NS (Soro negativo predefinido) para as esferas desejadas.
8. Clique em **Save** (Guardar) para guardar as alterações.
9. Clique em **Close** (Fechar).

## Alterar a configuração de produtos combinados LABScreen

Pode alterar as definições de limiar positivo e negativo de análise combinada LABScreen para cada produto ou lote. Os novos valores de limiar de interrupção são utilizados em todas as sessões de análise para esse produto ou lote.

1. Na página inicial do LABScreen, clique em **Edit** (Editar) ou selecione **Utilities > Antibody Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos de anticorpos) no menu principal do HLA Fusion.
2. Clique em **Set Mixed Product Configuration** (Definir configuração de produtos combinados) para abrir o menu LABScreen Mixed Configuration (Configuração combinada LABScreen).

**Configuração de produtos LABScreen Mixed**



3. Selecione um catálogo de produto na lista pendente **Catalog ID** (ID de catálogo).
4. Edite os valores de limiar. Para catálogos de produtos combinados LABScreen, os valores de limiar podem ser definidos ao nível da esfera.
5. Clique em **Save**

(Guardar) para guardar os valores.
6. Clique em **Close**

(Fechar).

### Alterar a configuração de análise de rastreio de anticorpos

As alterações na configuração de análise de rastreio de anticorpos são realizadas por tipo de produto e aplicam-se apenas às sessões analisadas após a realização das alterações.

1. Na página inicial do LABScreen, FlowPRA, LAT ou LCT, clique em **[Edit]** (Editar) ou selecione **Utilities > Antibody Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos de anticorpos) no menu principal do HLA Fusion.
2. Clique em Set Analysis Configuration (Definir configuração de análise) para abrir o menu Analysis Configuration Settings (Definições de configuração de análise).
3. Selecione um tipo de produto na lista pendente Product Type (Tipo de produto).
4. Altere os valores, conforme necessário.
5. Clique em Save (Guardar) para guardar os valores.
6. Clique em Close (Fechar).

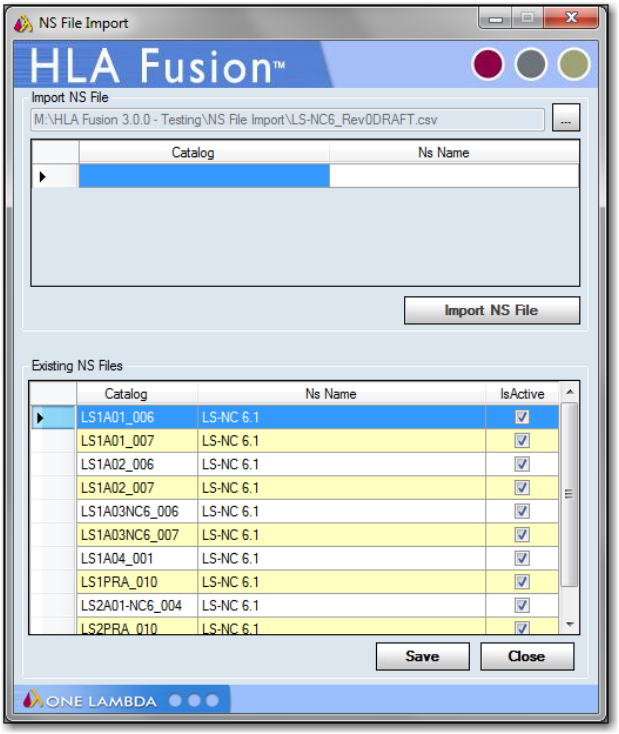
## Importar ficheiros de SN

Os ficheiros de Soro Negativo (SN) podem ser importados para serem referenciados durante a análise.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Antibody Product Configuration** (Acessórios > Configuração de produtos de anticorpos).

2. Clique em NS File Import (Importar ficheiro SN) para abrir o menu NS File Import (Importar ficheiro SN).

**Informar ficheiro SN**




3. Clique no botão **Browse** ... (Procurar) para localizar e selecionar os ficheiros SN.

4. Clique em **Import NS File** (Importar ficheiro SN).

   Quando um ficheiro SN é importado com êxito, é listado em **Existing NS Files** (Ficheiros SN existentes).

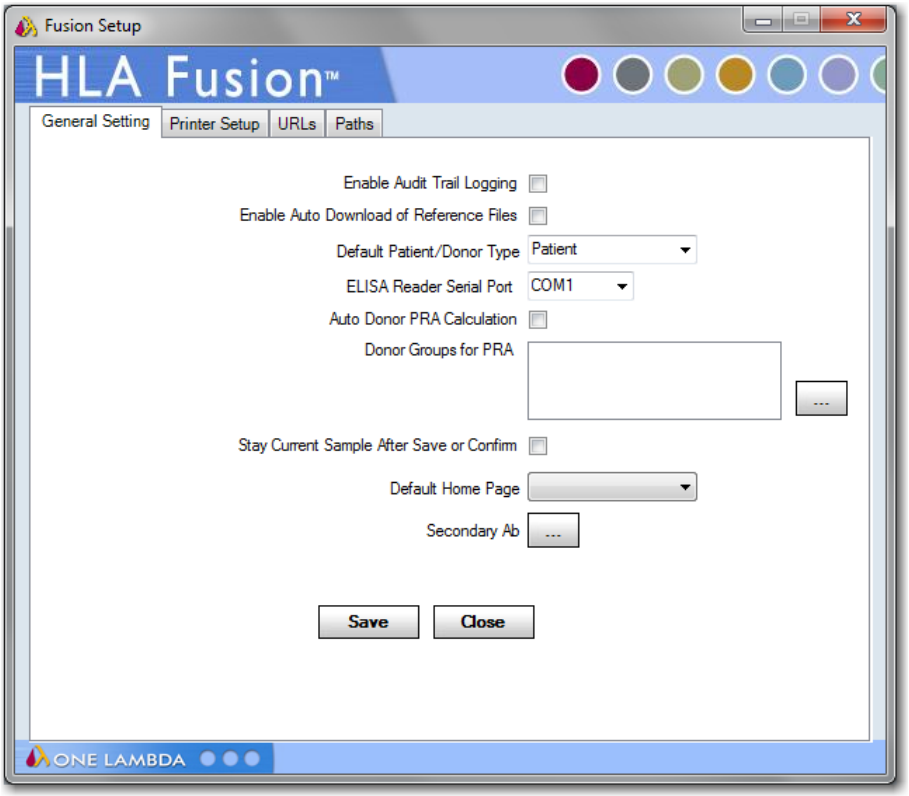
5. Clique em **Close** (Fechar) para regressar ao menu Update Reference (Atualizar referência).

# Selecionar definições gerais

Pode definir um número de definições gerais do sistema, incluindo as predefinições da impressora, URLs e caminhos.

1. Selecione **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais) no menu principal do HLA Fusion.

   É apresentada a caixa de diálogo General Settings (Definições gerais).




**Definições gerais do Fusion**

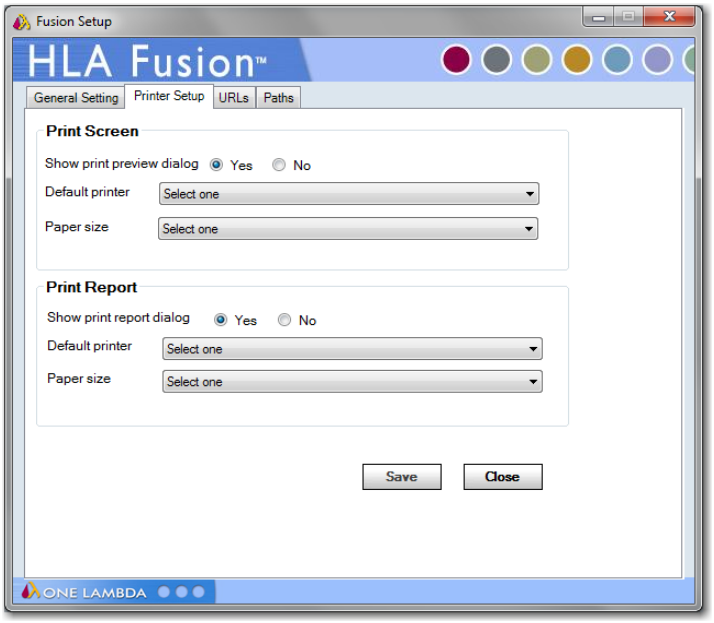
2. Utilize os menus pendentes ou selecione as caixas de verificação para realizar as suas seleções nesta caixa de diálogo.

3. Depois de terminar todas as suas seleções, clique em **Save** (Guardar).

### Predefinições da impressora

No separador Printer Setup (Configuração de impressora) na caixa de diálogo General Settings (Definições gerais), pode selecionar definições, como a impressora predefinida e o tamanho do papel, que serão aplicadas quando imprimir relatórios ou realizar a impressão de ecrã.

1. Selecione **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais) e clique no separador **Printer Setup** (Configuração de impressora).




**Configuração de impressora**

2. Selecione entre as seguintes opções para os painéis **Print Screen** (Impressão de ecrã) e **Print Report** (Imprimir relatório) da caixa de diálogo:

- Se pretende visualizar uma pré-visualização da impressão ou caixa de diálogo de imprimir relatório sempre que imprime, certifique-se de que a opção **Yes** (Sim) está selecionada. Caso contrário, selecione **No** (Não).

- Se não pretende selecionar uma impressora sempre que imprime, selecione a impressora predefinida e tamanho do papel nos menus pendentes.

**Nota:** Esta configuração de impressora predefinida pode ser substituída pelas propriedades de página específicas de certos relatórios.

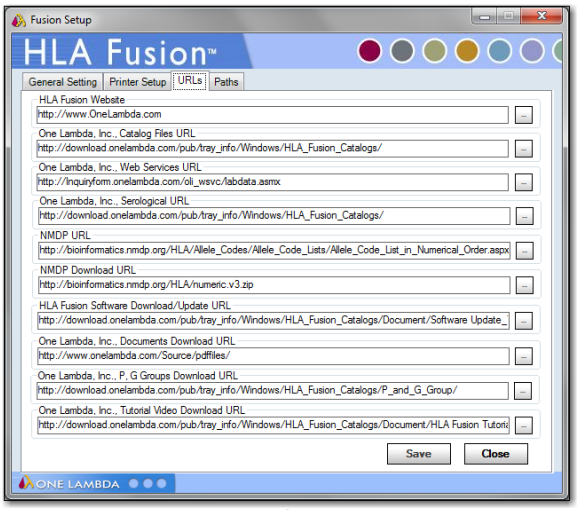
3. Clique em **Save** Save (Guardar).

## Definir os URLs e caminhos de diretório predefinidos do HLA Fusion

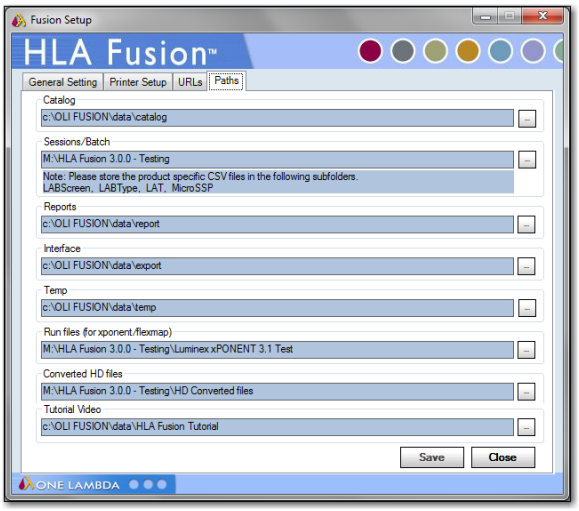
A opção **URLs & Paths** (URLs e caminhos) no menu General Settings (Definições gerais) permite-lhe definir os URLs predefinidos para websites OLI e NMDP para transferir ficheiros de referência e catálogo e atualizações de produtos. Esta opção também lhe permite definir o caminho de diretório onde o HLA Fusion, por predefinição, armazena catálogos, ficheiros de sessão/lote, relatórios, etc. Modificar os URLs ou caminho antecipadamente permite-lhe evitar ter de procurar os ficheiros sempre que precisa deles.

1. Clique em [Edit] (Editar) no lado direito do painel *General Configuration* (Configuração geral) da página inicial predefinida do HLA Fusion ou selecione **Utilities > General Settings** (Acessórios > Definições gerais) no menu principal do HLA Fusion.

Selecione o separador **URLs** ou o separador **Paths** (Caminhos).




**Separador URLs**




**Separador Caminhos**

2. Introduza um URL e verifique se funciona ao clicar em [...]. Para os caminhos, utilize o botão Browse [...] (Procurar) para localizar o diretório que pretende utilizar para a finalidade especificada (por ex., onde pretende armazenar relatórios quando são gerador).

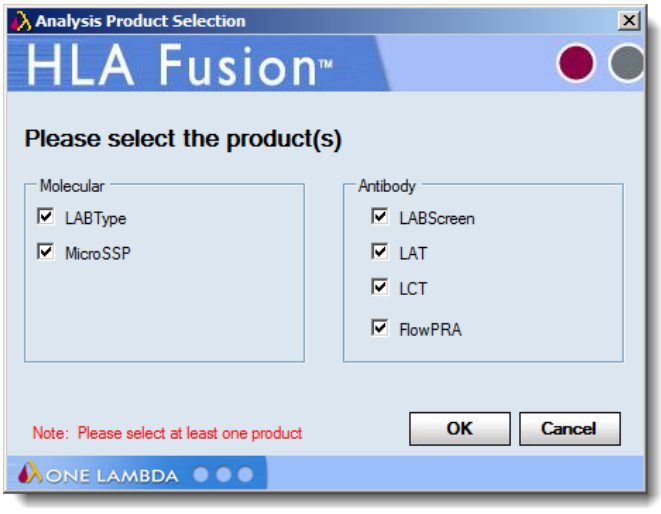
3. Clique em **Save** [Save] (Guardar).

## Ativar produtos

A opção Products Selection (Seleção de produtos) no menu Utilities (Acessórios) permite-lhe ativar ou desativar os vários produtos de análise OLI que podem ser utilizados com o HLA Fusion.

1. No menu principal, selecione **Utilities > Products Selection** (Acessórios > Seleção de produtos).

**Selecione** ou **anule a seleção** da caixa de verificação junto ao(s) produto(s) que pretende ativar ou desativar.




**Selecionar/ativar produtos**

## Clique em OK [OK].

# Validação do software

O software HLA Fusion tem a funcionalidade de ajudar no processo de validação exigido por laboratórios, clínicas e hospitais que procuram cumprir as normas GCP, GLP e GMP. A validação do software HLA Fusion para o seu ambiente laboratorial por razões regulamentares ou de desempenho, pode ser automática utilizando as opções **IQ** (QI) (Qualificação da instalação) e **OQ** (QO) (Qualificação operacional) no menu **Utilities > Validation** (Acessórios > Validação). O seu laboratório poderá optar por executar um processo de validação regulamentar padrão para ajudar a resolver problemas ou para fornecer informações para preparar uma atualização de software.

## IQ (QI) (Qualificação da instalação)

O processo QI ajuda-o na qualificação da instalação do software HLA Fusion ao fornecer uma função incorporada. Depois da conclusão da qualificação da instalação, é gerado um relatório dos resultados, que pode guardar, imprimir ou exportar para Excel.

**Nota:** Se os seus resultados de QI o preocuparem, exporte-os para um ficheiro Excel e envie o ficheiro por e-mail para o apoio ao cliente da OLI.

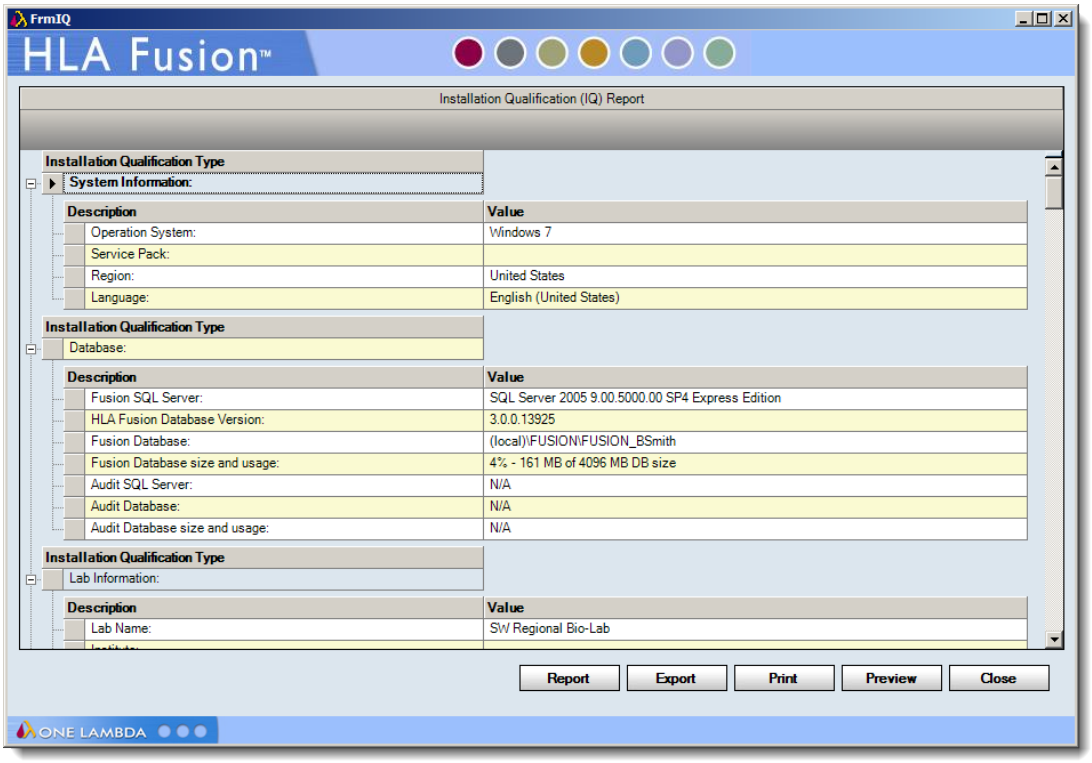
1. No menu principal, selecione **Utilities > Validation > IQ** (Acessórios > Validação > QI).

É executado o teste de validação. Quando estiver concluído, é apresentado um relatório com as seguintes categorias de dados:

- Informações sobre os sistemas (por ex., sistema operativo)
- Ambiente (por ex., caminho de diretório onde os ficheiros do programa HLA Fusion são armazenados)
- URLs (por ex., o URL para o site de transferências de catálogos)
- Informações da base de dados (por ex., nome da base de dados)
- Número e tipos de ficheiros instalados (por ex., dll)
- Informações do laboratório (por ex., nome e morada do seu laboratório)
- Configuração de análise para cada produto (por ex., baixa contagem de esferas para LABType)

2. Pode selecionar para guardar, pré-visualizar, imprimir ou exportar o relatório para Excel.

Exemplo de relatório de QI




**Relatório de QI típico**

## Qualificação da instalação (QI)

O processo de QI ajuda-o na qualificação da instalação ao fornecer uma funcionalidade incorporada. Pode ser realizada apenas se tiver concluído o processo de QI conforme explicado acima. A qualificação da instalação passa por uma série de processos de QA para analisar o lote e catálogo pré-carregado e compara-os com os resultados predefinidos.

Depois da conclusão da validação da instalação, é gerado um relatório dos resultados, que pode guardar, imprimir ou exportar para Excel. Se os resultados o preocuparem, exporte-os para um ficheiro Excel e envie este ficheiro por e-mail para o apoio ao cliente da OLI.

- No menu principal, selecione **Utilities > Validation > Installation (IQ)** (Acessórios > Validação > Instalação [QI]).

É executado o teste de validação. Quando estiver concluído, é apresentado um relatório com os dados relativos ao funcionamento do HLA Fusion no ambiente de trabalho do seu computador.